

EP 0 786 519 A2

	TTCTTTAGAT AATCCTTGGG AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
	AATAGGTTCA TTTTGTAAT CAATATCAAC CGTTCAGCT AATGCATAAG CAACAATAA	1500
10	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTC	1620
	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
15	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
20	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGTA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTC GCTTTCTTAT CAAATTCACT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGC	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTGAGCTTC AATACCACCA ACACCCATC CTAGTACGCC	2520
40	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
45	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATTCT AATTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940
55		

EP 0 786 519 A2

	GTCTGTAATT ACAAATCAT CTTCTTGACG AAGTAAAGAT TCTAACAAAA CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA TTGGAACTT TAGTAATACC TTGCTCTTCT ACAGCTTTTA AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT TGGCCATTCA AGTCAAAATG TTTTTFTGAT TGCTCTTTAA AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA TCCCCCTTGA TACATTTTTA TATTTATATG CCTTGATTAA ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT GATAAACAAAC TCATCATGCT TAGAAAACGC TTAATTTAGG TTTTGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG TATATAAGCA AAACCTATCA TACAGGTAAG GTGTAATAAG TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA TAATTATCAA TTTTCGCAAT GATTCAATTC AATTTTTAAA CGTATTATTT	3420
15	CATTGAGCAG AAAGAAAATT ATGGCACCAA ACTTTAATAT TTTTTTCAAT GTCATTCTTT	3480
	TGATGGGAGT GGGACAGAAA TGATATTTTC GCAAAATTTA TTTTCGTCGTC CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC TGTAGAAATT GGGAAATCCAA TTTCTCTTTG TTGGGGCCCA TCCCCAACTT	3600
20	GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTTCGTCAG CTTCTGTGTT GGGGCCCTCA CCCCAACTCG	3660
	CATTGCCTGT AGAATTTCTT TTCGAAATTC TCTGTGTTGG GGCCCTGAC TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT TACAAGCGCA TTTTCGTTCA GTCAACTACT GCCAATATAA CTTCTAGAG	3780
25	CATAGAATAT TGATTTATGT CCCAGCCTGA GTTAATTTTC TATAAAAGTA TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC CGTCAAACCT CACTTTAGCT TTGTCAAACC CCTTTCTATT AAGTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT ATCTTAAAT ATAAAAAAT CGAGAATTCG TAGTTTAATA ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC CTTTTGAATA TACTCAATTT TCCACAAAA CAAACAAGTA GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT AGAATGACAT ACTACTTGTT ATTAATAATAC TTAATAAAC TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC TCTATATTT TACGTGACTG ACGCTTTTCA AGAATGTCAG ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA CTCTTGATAT ATTCTTGTA GCGATGTTTA TTCGGAGTCA ATGTTAAACC	4200
	TAGGAAATTA CGTTCCTGGT TCGCATCCTT GTAGAACTT ACCATCATGA GTATGACGAC	4260
40	AAAGGAGAAT GGAATGCAC TTATAATTGC AGCACTTTGA ATCGCATTTA AAGCTTCAGC	4320
	GCCGTTACCG CCACCAGCTA ATAAAAGTAC AAATGCTATT AAGGCCTGTG AAATTCCCCA	4380
	AACAACTTT ACCATACTAG ATGGATTTAA TGAACCAAAT GTTGTTTGCA TTCCTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT GAGTCAGCAG ATGTAATAAA GAATGATGCA ATTAATAATA ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA ATGCCAAATG GCACATGATT AAACACTCCA AATAGCTGTG TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA ATTTCTTTGT GTTCTTACC TGTCTCGATG CCTAATACAC CAAAGACACT	4620
50	AAACCAACA AACTAACAA TTGCTGGAAC TAGCAAGACA CCAGAAATGA ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT TTTGAACTC GTGCAATAAA CACTCCAACG AATGGACTCC AACTTAACCA	4740
55		

EP 0 786 519 A2

	TGCTGTATCA	AAACTATTAA	ACAAGAATGT	GTTTAGTAAA	CTACCCGTAG	AGCTAGTTAA	4860
	CATATTTAAA	ATAAGAACAG	TTGGTCCAAC	AATTAAAGCA	GCTACCATTA	AAATAGTACC	4920
5	TAAACCAATG	TTCAAGTTAC	TTAAGTATTG	AATACCTTTA	CTTAATCCAG	ACCATGCACT	4980
	TGCTATAAAT	AAGATAGTAA	CAACAATGAT	GATAATCGCT	TGTACAAACG	TATTGTTTGG	5040
	AACATTGAAC	AAGTAATGTA	AACCACCATT	AATTTGTAGA	GCACCCATAC	CTAACGAAAC	5100
10	GGCTACCCCA	ACGATTGTCG	CAAATACAGA	TAAACGTCA	ATAAAAATCC	CAATAGGACC	5160
	TTCTACTTTA	TCACCTAAAA	GAGGACGTAA	AGTTCTAGAT	AATAAACCTG	GTTCACTTTT	5220
	ACGGAATTGC	GAATATGCCA	ACGTAACGCA	ACAACACCAT	AAACAGCCCA	AGCATGGAAT	5280
15	CCCCAATGGA	AAAAATGTTGA	ACGTAGAGCT	TCAGTATAAG	CTTCAGTAGT	TTTGGGATCT	5340
	GCTGTAGGTG	GCGTAGCAAA	GTGCGCCATC	GGTTCAGCTG	CACCATAAAA	CACCAAACCT	5400
	ATCCCCATAC	CAGCACTAAA	CAACATAGCA	AACCATGAAA	TTGTATTAAA	CTCAGGTTTG	5460
20	TCATTTGGTT	TACCTAGTTT	AAGTTTTCCA	ATAGGACTAA	AAATAAGGAA	TATACAGAAG	5520
	AACACGATAA	TCGTAGTAAG	AATAAGATAA	TACCAACCTA	ACTTTTCTGT	AATCCACATT	5580
25	TTAATATTAT	TGGTAACATA	GTTGAATTGT	TCAGGTAAAA	ATGCACCAAG	TAATACGACT	5640
	ATAGCAACAA	CAATTGCACT	ATAGATGAAG	ACTGGTGAAT	ACTTCTTTCC	ATTTGGATTC	5700
	TCTGGTGAAG	AAGAATTCAT	AATTAATTAC	TCCCTTCAAT	TCTATATTTA	ATTTTATGTA	5760
30	GTAGAATAAA	AATATTATCT	AAACATTTTA	TTCAATAACT	CACG		5804

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

	ACCCGCGAAT	ATGGTCCATC	CTATCGATTT	ATTTTAACT	GGTTTGACAA	TATTTAATTT	60
45	TTCATAATCA	TTCTTAGTGA	TTTTGACATA	TGTTTTCGGT	ATGAGCCAGT	TAATAAATGG	120
	AAAGAAGAAG	ACAATCCAAT	TACTTGCCAA	ATCaATCATT	AAATATTAC	TATCGTATTT	180
	GATTATTCGA	TATTTAGGGT	TTTTATTAAT	AACTTTAGAT	TCGCAAAGCA	ATGTCTCCAC	240
50	ATCCCTTTAA	TTTTATGTGT	AATACATTTT	TCGATACTTC	AAAAGACATT	CAAATACTAT	300
	CAAGTTACTG	TCATCAAAGG	TTTTATTAAC	TGATATTtTC	ATATTTTTAa	TCTGAATTTA	360

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
            (A) LENGTH: 964 base pairs
            (B) TYPE: nucleic acid
            (C) STRANDEDNESS: double
            (D) TOPOLOGY: linear

      (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

CCAGGGTGC GAAAGCTTTA AAATTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGcA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TAryACTTTA CGGCGGTCAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTTGG GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG ACAAAAATAG TCAAAATGTT GAAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGGTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCTG CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAATCCGT TGAAACTAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1193 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTCATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTGTAA CTAAATTAA 360
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAAATTA TAGGTCGCGG 420
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAaATTA ATTTTCTAAT 480
 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540
 15 GTTCAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660
 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCAG TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720
 20 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCAC TTAGATCCTT 840
 25 GAATCTCTTG CGGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAAAT TTCTTTTCC 900
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080
 ACCGTAATC TCTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 . (A) LENGTH: 1098 base pairs
 . (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120
 50 nGCATTAAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAAATTT GCATAAAGAT 180
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

55

EP 0 786 519 A2

AAAAAAATCT TCGAACATTC AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATATG 360
 AATTATTATT TAAAATTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTGATA GAAATCAGCT 480
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT 660
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCTG ATTTTATTAC 720
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTA CGTTTATTAT 780
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTGTGGT TGTGTGTAGT 840
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTCTC TTTGTTTTCG CTGATGTATG 900
 20 TCAATACAGC GAATTCTTCA AAGCTAATG AaAATTCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT 960
 TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAAC CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA 1020
 TGTTTAAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTTGCCCCGA TAATATAnTG 1080
 25 TATCTAATCT TTATGnAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA 180
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACATr CAATTCAGAA AAGTATATAA 240
 45 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300
 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420
 50 kGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGAATCCGAT GACTATATAA 480
 ACAAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

EP 0 786 519 A2

CACCTGAAGT TACTTTGTGA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTAAAGCCCG ACTAAAATCT 660
ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG 720
5 AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG 780
ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT 840
CACCTGAAGA CTTTATATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT 900
10 TAGAAGAAGC CCATAAAAAAT CAAATCTTAG CAGAAATTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT 960
CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG 1020
CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT 1080
15 TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG 1140
AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC 1200
AATTC AATGA 20 AAGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA 1260
TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA 1320
TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA 1380
CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG 1440
25 AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTCTTGA GAAGTCCAAA 1500
TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG 1560
CAGAAACAAG TGCATTAAAT CATTGGAATA ATGATTTTTA TAGATTAAAC CCGTATTTCA 1620
CAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT 1680
CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT 1740
35 TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC 1800
AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAA GCGAGACTTC 1860
AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG 1920
40 CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA 1980
TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG 2040
GAGGTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC 2100
45 GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG 2160
TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT 2220
50 CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC 2280
ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA 2340
55

EP 0 786 519 A2

TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA 2460
 AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT 2520
 5 TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA 2580
 AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT 2640
 TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA 2700
 10 TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA 2760
 GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA 2820
 AAAGAAaAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAn ATTTAATGGT ATAGATAATT 2880
 15 A 2881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1056 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

ACCGTCGAAT ATCGCTTG TG ATTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT 60
 30 ACATATTCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGT TT TGGATTTAGT 120
 AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT 180
 TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA 240
 35 TTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTTG TATTTATCAG GTGGATTAAG TTGGAATTTT 300
 ATCGAATGTT CCAAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG 360
 TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA 420
 40 TGTTTTGATT TGTAAATGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC 480
 CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTGGAT AATTAAACCT 540
 AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA 600
 45 TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT 660
 tCGCTTGTA TATCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA 720
 50 GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGA TACGGCATCA 780
 TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC 840

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

10 (A) LENGTH: 1277 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

	ATGCCaCACT	TATTGGTGGC	AGGATCGACG	GGTAGTGGTA	AATCTGTTTG	TATAAATGGT	60
20	ATTATTACAA	GTATTTTATT	AAATGCTAAG	CCGCATGAAG	TTAAACTTAT	GTTAATCGAT	120
	CCGAAAATGG	TTGAACATAA	TGTTTATAAC	GGAATTCCAC	ACTTATTAAT	TCCGGTTGTT	180
	ACAAATCCTC	ATAAAGCTGC	TCAAGCTTTA	GAAAAAATTG	TAGCTGAGAT	GGAAAGACGT	240
25	TATGATTTAT	TCCAACATTC	ATCAACTAGA	AACATTAAAG	GTTATAACGA	ATTAATCCGT	300
	AAGCAAATC	AAGAATTAGA	TGAGAAGCAA	CCAGAATTAC	CTTATATCGT	TGTTATTGTA	360
	GATGAGCTTG	CAGATTTAAT	GATGGTAGCT	GGTAAAGAAG	TTGAAAATGC	GATTCAACGT	420
30	ATTACACAAA	TGGCACGTGC	AGCAGGTATA	CATTTAATTG	TAGCGACACA	AAGACCTTCT	480
	GTGGATGTAA	TTACAGGTAT	CATTAAAAAT	AATATTCCAT	CTAGAATAGC	TTTTGCTGTG	540
	AGTTCTCAAA	CAGATTCAAG	AACTATTATT	GGTACTGGCG	GCGCAGAAAA	GtKACTTGTT	600
35	AAAGGTGACA	TGTTATACGT	TGGAAATGGT	GACTCATCAC	AAACACGTAT	TCAAGGGGCG	660
	TTTTTAAGTG	ACCAAGAGGT	GCAAGATGTT	GTAAATTATG	TAGTAGAACA	ACAACAGGCA	720
	AATTATGTAA	AAGAAATGGA	ACCAGATGCA	CCAGTGATA	AATCGGAAAT	GAAAAGTGAA	780
40	GATGCTTTAT	ATGaTGAAGC	GTATTTGTTT	GTTGTTGaC	AACAAAAGGC	aAGTACATCA	840
	TTGTTACAAC	GCCAAATTTaG	AATTGGtTAT	AATAGAGCAT	CTAGGTTGAT	GGATGATTTA	900
	GAACGCAATC	AGGTAATCGG	TCCACAAAAA	GGAAGCAAGC	CTAGACAAGT	TTTAATAGAT	960
45	CTTAATAATG	ACGAGGTGTA	AAAAATGTC	AGAAATGAAT	GCGGTATATA	ACGTTAACAA	1020
	ATaCATTtTA	AATTTgATTA	AGCAAAATAA	ATTGGAATAT	GGTGACCAAC	TTCCAAGTAA	1080
50	TTTATCAATT	GCCAGAGAAT	TAAATGTAAA	AACCGACGAT	GTTTATGAAG	CAATTCAGcA	1140
	TTGATTACTG	AACAAGTCAT	TAAAGATAtT	TTGAAGAGGG	CACAAGTGTT	AAGTCACTGC	1200

EP 0 786 519 A2

GrtTTGAATG CGGAAC

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAaA CCACACAAAG CTACTTATTT	240
TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTIA TTTAATTATG	720
CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
ACAGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
TACAATATGA ACTACCGTAC AATCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
TTTATTTTGT AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCTC TCCCTATCAT	1260
ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

EP 0 786 519 A2

ATTTAATTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA 1440
ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTAAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC 1500
5 ATTGAAGAAT ATAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA 1560
CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT 1620
GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAAArArn CTGrACTTCA 1680
10 ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT 1740
AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC 1800
CATGTAATGA TCATTGCTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA 1860
15 CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT 1920
GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT 1980
20 ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTGG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA 2040
AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA 2100
TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA 2160
25 TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA 2220
CGATTGCTC TGTGTTAAAT TGCAATTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG 2280
AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA 2340
30 CCTTGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA 2400
CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA 2460
ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACACTAATC CATTTTCCAA TTAAATGGA 2520
35 TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG 2580
TTCArCACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG 2640
TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA 2700
40 ATAACACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA 2760
TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT 2820
TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG 2880
45 AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAA TTCTTTAATA 2940
TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT 3000
50 TTCATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG 3060
TATTCGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA 3120
55

EP 0 786 519 A2

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAT TCGCACCATG TGAATCATAA GTTTTAATGT 3240
TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300
5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360
TACTAAACAT TTAAATCCTT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTG AGTTATAATT 3420
TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480
10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540
CTGTATTGTC CTTTATA 3557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1631 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

25 AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60
CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120
CAGTTAAACG TTGGCTGTG ATTTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180
30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240
CACCAAAATC TAATTCATAA CCTTGTTTCTG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300
GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360
35 TAATCCAGCT CCTTAATTCTG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAAA CACTTTTTGA 420
TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTGTGCA 480
TTCATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTGTA ATATTTTTTG AATTGTATAT CTTCCCATTA 540
40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTGACT AATAAACTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600
ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660
TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTGAAAA ATGGCTGAAG 720
45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780
ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840
50 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900
TGCCTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGCTT TTTGTTCTT TTTGTGCTG TTTTCAATAT 960

55

EP 0 786 519 A2

CGCCTTTTTT CTCAGTTTTT TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080
 ATTTTTGTGA TTTTTCATA TCTTTAATAC GTTGTAATTC ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTTCG CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380
 TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTa ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCcTaTga TACATCAATA 1560
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTCAGA TGTtTTtTTAA AAgAGaCCC 1620
 20 AATTAnAAAA A 1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6645 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60
 ATTCTTCAAC TGTGCTAGA TATTGTGCAA TTTAGTTAC TTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180
 ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300
 40 cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT 360
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT 420
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTC GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540
 AGCGCCAAct TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600
 50 GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTATT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TACATTAACT GTCTTAGTTA CTGCTTGCTT AGGTGCTTGC TTAAC TACTA CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTTGT ACAGGTTGTT TTACTACCTT TTTAGCTTGG CTTGCTTTTC TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCGCT TTAGTTTGT TCACTTTATT TTGAGGCACA AGTGAAATCA CGTCACCAGG	960
	AAAAATTAAA GGTGTTACAC CAGGATTGTA TGAATATAAT TGATTCAACG TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAGCA ATCTTATATA ATGAATCGCC AGCAACTACT GTATAAGTTG TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGTGCT TGAACATTTG ATACATAATT ATGTTGAACA GGTGTTTTTA CTTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTTGT GCATGTGCTG CATTATTTAA AGCTAAAAA GCTAACACTG ACGAAACCGT	1200
	CACTGTAAGA GATTTTTTCA TCTTGCTGTC ATTCTTTGTC TGTTAGTATT TTAAGTATGC	1260
15	AAATACTATA GCACAATACA TTTTGTCAAA AGCTATTGTT ATAACGATGT AATCAAATGG	1320
	TTAACAATAT AAAAAGAATA CAACCTTTTA TCATAGTGTA AAATGTATTC ATACCATGTA	1380
20	ATTGAGAACG TTTTCAATAA TTAATTCAAT ACCTTGAAAA TCGCCATAGG TAATATTACT	1440
	AAATGCACAC TGCATATGTT GTTTTAACAA ACACAACCTT TAAAAAATAT ATTCTAACTC	1500
	TATCTACCGA ATTGTACTTA AATATTCATA AACAAATCAT ATTCCAAAAT CTAATTTACA	1560
25	ATTTATTTAG CTACCTTTAA AAAAACCAAA AACCAGCGCC CTTTTAGAGC CTCGGTTTTA	1620
	AAATATATAT TAATCGTGCG ACATTGTCTG TCTTAAATAT GATTGATAA ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCATCC ATCACTGCAT CAACCTTACC TGTTTCTTCG TTCGTACGAT GATCTTTCAC	1740
30	CATTGAGTAT GGATGGAAAA CATATGATCT AATTTGGCTT CCCCAGCCGA TTTCTTTTTG	1800
	TTCCGCCACGA ATTTTCAGCCA TTTACAGTGC CTGCTCTTCC AATTTTAATT GATATAATTT	1860
	AGACTTTAAC ATTTTCATAG CTGCTTCACG GTTTTAAATT TGAGAACGTT CATTTTGGTT	1920
35	ATTAACAAC TATACCTGAGG GGTGGTGGGT AATTCGTATT GCCGATTCAG TTTTGTTAAT	1980
	ATGCTGACCA CCTGCACCAG AAGCTCTGAA TGTATCAACT GTAATATCAT CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCTCT ATTTTCATCAT TATTAAAATC TGGAATAACG TCGCATGATG CAAATGATGT	2100
40	ATGACGACGT CCTGATGAAT CAAATGGAGA AATTCGTACT AGTCGGTGTA CACCTTTTTC	2160
	AGCTTTTAAA TAACCATAAG CATTATGCCC TTTGATGAGC AATGTTACAC TTTTAATCCC	2220
45	CGCTTCATCC CCAGGTAGAT AATCAACAGT TTCAACTTTA AAGCCTTTCT TCTCACAATA	2280
	ACGTTGATAC ATTCTAAATA GCATATTAGC CCAATCTTGA GACTCCGTGC CACCTGCACC	2340
	AGGATGTAAC TCTAGAATTG CGTTATTGGC ATCGTGAGGC CCATCTAATA ATAATTGCAA	2400
50	TTCGTATTCA TCCACTTTAG CCTTAAAATT AATGACCTCT TGCTCTAAGT CTTCTTTCAT	2460
	TTCTTCATCA AATTCTTCTT GTAATAAATC CCAAGTAGCA TCCATGTCAT CTACTTCTGC	2520
55		

EP 0 786 519 A2

TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTTT CATATTCTTG 2640
 AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCTT AATTGTGTT AAATCTTGAT 2700
 5 TATACTTATC TATATTTCGT TTGATTTCTG ATAATTCCAT AGcATTGCTT CCTATTTATA 2760
 TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT 2820
 AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA 2880
 10 AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATT TTTAAACTA AGTACATAAC 2940
 AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT 3000
 CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT 3060
 15 TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC 3120
 TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC 3180
 20 GTGcTTGCTT TCACCAAACT CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGTAAC 3240
 TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA 3300
 TAATTTCATG CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATT TGTGTGTCAT AAGAACGTAA 3360
 25 GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT 3420
 AGAACGAaGT AAAATCATAC GCTCAAACTC ATTCATTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG 3480
 ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT 3540
 30 ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC 3600
 GATGAATGGT TGATATTCTG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG 3660
 TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT 3720
 35 ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA 3780
 GATAcGTTTA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC 3840
 TCTTGATACC ATTTTTGATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT 3900
 40 TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAATTCA TCTTGAATG ATAAATAGAA 3960
 GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG 4020
 ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC 4080
 45 ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT 4140
 TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC 4200
 50 ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC 4260
 AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC 4320
 55

1057

EP 0 786 519 A2

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTCGATTTT TTGTAATTTC 6240
 GCAACAAACA CTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300
 5 TTTTCGAACCTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360
 TTTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTGGGTAC GTCATTAAAA 6480
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATh 6600
 GGnAACTChT TATTATATTT AACATTTTTTA CGCCAATCGT GCAAA 6645
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCACGC ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAC AGATGATTTG AATAAGATC AACTAAAGGA 180
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360
 TAACAATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660
 45 AGCAACGTTA CCAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840
 TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

EP 0 786 519 A2

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAncAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
20	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAACT GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAAGA ATTTCGAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGGCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAAGTGA TTTGCCCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700
55		

EP 0 786 519 A2

TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA 2820
 AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG 2880
 5 TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC 2940
 AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA 3000
 ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT 3060
 10 TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC 3120
 AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG 3180
 GTGACTTTTT GGTAAATCAA GGTGTGCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA 3240
 15 CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT 3300
 TCATGTTTTA AAGTAATTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA 3360
 GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT 3420
 20 TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT 3480
 CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCAGCTT TTTTGATTAC 3540
 CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT 3600
 25 AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTTCACTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA 3660
 AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT 3720
 TTCAAATCC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC 3780
 GAGGTTGTGA AAGTTTTCTT CCCCAACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT 3840
 TTTATATTTT TTAAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA 3900
 35 GTTAATCCAT ACACCTTCGT TTGGAAACTT ACCTTTTTTC TTGTAATATA AAAATTCTTT 3960
 CAAGGTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA 4020
 TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT 4080
 40 CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA 4140
 TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT 4200
 TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT 4260
 45 TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA 4320
 ATCGCGAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATT CAGTATTTTC AATGTTTAAA 4380
 GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG 4440
 50 AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT 4500
 55

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55

55

EP 0 786 519 A2

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAATAATT AACTTACTTT TGTAACAAAA GACATGAGAT 6540
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600
 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660
 10 GATTGTTC AATGATTGAT AATATTATTC TTTATATTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCACGCTC GGTGTGTAA 7020
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTAATCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140
 25 ATCTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GaAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTTAATAAT TTATTTTCTA 120
 50 TAAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTAA 240
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGAKnAAAAT AATTCACGC CTTTGGTGT 300

55

55

EP 0 786 519 A2

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA	2220
	AAAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTC AATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT	2460
10	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACATCT CTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA	2580
	TCCATTTCTC TATGTATTCTG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
15	TTCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTTATTCTT	2820
20	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGACCCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
30	GTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTA AAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTCT GATTAATAAG	3300
35	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTTT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAACTTAT GAATATACTC	3720
	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
50	TTTTCACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900
55		

EP 0 786 519 A2

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080
 5 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1145 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGAGTATGA TAGAAATCGC 240
 25 CTGTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CTTGCTATGA GTTCTTGATT 360
 GGCcAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480
 GGTAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTGT 540
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTC 660
 GACATATCTT TTTCGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720
 40 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780
 AGTGTTTTTC TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTAA 900
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTGTGCT 960
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020
 50 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAACTA 1080
 TGTACAATAT ATACAACATA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140
 TAATT 1145

EP 0 786 519 A2

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7075 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACCAGT TCTTAAAAAT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
15	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
	GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACAG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATAYyyg TCCTTCCCGA TAAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTCGAACT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AAaCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCATT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTAAATTTTCG TTTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTAC	660
30	GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TTA AAAAGAT TGTTCATCT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
35	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA	840
	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AAATATTTTC TTATTACAG	900
	ACCAATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAAT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTCGGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
	TCTGCTATCT TGTGCATTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
50	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440

55

EP 0 786 519 A2

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTGTC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTCCTC TAAAAAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
25	ATTGAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTAGTA TCTTGACTT CAGAAGCTTG	2280
	CTTAATCACT TTTGCAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCCtAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGA ¹ FCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
45	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTGATGTTT ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GGCGTTTTTC ATTTAATTCA	3180
55	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

EP 0 786 519 A2

TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA 3360
 TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA 3420
 5 AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT 3480
 AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA 3540
 10 TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC 3600
 CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA 3660
 TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC 3720
 15 GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTC 3780
 CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG 3840
 CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG 3900
 20 CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT 3960
 GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG 4020
 AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACTTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT 4080
 25 TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA 4140
 TGTTCTGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTACAGCA TCTGCAATCG 4200
 CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA 4260
 30 TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT 4320
 CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAAGTGT 4380
 35 TTAGAATGCG TTCTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA 4440
 CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA 4500
 TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGTTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT 4560
 40 GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAAGTGT 4620
 CCAATACTTG TACAGCATTT 4620
 AATGCAGCAC CTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT 4680
 GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC 4740
 45 ATTGGATATT CATGTCTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT 4800
 AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA 4860
 TGAATATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTAAAGTC TGGCGCATTT 4920
 50 AAAATTTTTC TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA 4980
 AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT 5040
 55

EP 0 786 519 A2

	TGATATGTTG	TATATGCCAC	TCGTTTTTAA	CCATAAGCAT	CTTGCAATAC	TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT	GAATCGTAGA	GCAGTTTGGA	TTGGCAATGA	TACCTCTTGT	AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT	COGGAACGAT	TAAATCAATA	TCTTCTGCCA	TACGCCATTG	ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA	TTGCACCAGC	TTTTTCAAAA	AGTGGGGCAA	AGTGTTCCGT	TGTACCGCCA	5340
10	CCAGCACTCA	TTAATACATA	ATCGAAATGT	TCACTTGAC	GAGCATCAGT	TAATTCTTGA	5400
	ACTGTATATG	TTTTTCCTTG	AAATTCAACT	TCTTGCCCTG	CAGAACGTGC	TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT	CATCGAAAGG	AATATTTTTA	CGATTTAATG	TCTCCAACAT	TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG	TTGCACCCAC	AACTGCTAAC	TTTGTCTATA	CTTGTCACTC	CATTTTATAA	5580
	TAATTTCCa	TTTTTAGAAT	ATTTTAACAA	TCATTTTACC	ATTAAATGTT	AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT	CTACCGCTTG	TTGCCCATTA	AAATCATCAA	TGACGTATGA	AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG	TTGTTTGGA	GAAAGGTATA	TTATTTTCAA	TTAATGTCAA	AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC	CTGACATATC	ACGCATGCCT	GAGCCAATTA	ATGAAATTTT	GACATAATGC	5820
25	TCATTGATTT	TATAAGCTAA	TGCTTCATAT	TGATTCTTTA	ATGTTTCAAG	AATCATAGAA	5880
	ATTTGATGAA	AATCACTATC	TTTAATCGTG	AAGGATAGTT	GAGCCCATC	CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA	TCATATCAAC	ATTTACAGCA	CCTTCTTCAA	GTTCCGTAAA	TAGTTGGGTA	6000
30	AGTAGCTGAT	TGTCAGGTAG	GGGATAACTA	ATTGTTACAT	GCATCATATG	TTTATCCAAA	6060
	GCCACACCAG	TAAGTCTTTT	TTTCTCTAAT	ATTTCTTCAT	TTGACATAAT	CCATGTTCCCT	6120
	TTACGTTTCG	ATAAAGTTTT	TCCTAAATAT	AAAGGGATAT	TATAGTTTTT	AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG	TTTCAAGTAC	ACCAGCACCT	AAAGCGCTCA	TTTCCATCAT	TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT	CTAGTCGTTT	AGCCTTTGGT	AAAAGTCTTG	GGTCAGTGGC	ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG	TATAAATTTT	ACAAGGTATT	TGATTACTAA	CAGCAAGTGC	CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC	CACCTCTGCC	TAAAGTTGTT	AATTCCTGAT	GTTCAATTGAT	GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA	CTAAATATC	GTTTTCTTGA	AAGGCTTGTT	CAAAATGTTG	AGGATTAATT	6480
45	TGAGCAATTT	TACTTTTTAA	ATGATGGCCA	ATGGTTTTAA	TACCCGCTTG	ATAGCCAGTC	6540
	ATTGCTTTGG	CATTCATACC	GATATCAATT	AATACCATTG	ATAAATAAGA	TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG	TTGTCAATAA	TAATGCCAGT	TCTTGTTGTT	TTGGTGCTTT	AGTCAAGGTT	6660
50	GATACATTCG	TCATTAATTG	ATCTGTTGTG	TTACCCATAG	CACCTTACAAC	GACAATTAAa	6720
	TTGTTTCATCT	TGATTGACTC	GCTCCTTTAA	CATTTTCAGCG	ATCCTTTTTTA	TTTTTGTAAG	6780
55	ATCACTGACG	GATGATCCGC	CAAATTTCAA	CACACTTCTT	GTTACCATAT	AATCCTCCTA	6840

EP 0 786 519 A2

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTGCGCATC GCACCCCTTC 7020
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAa ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TmAGCACTT GTCGACGTG ATGTACTTGT 60
 20 TGAACCTGAT TGACTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180
 GGACATTGAT TTACTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACCTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420
 GCTTGTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660
 AGATGTACTT GTTGATAGAC TTTCGGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720
 40 GCTTAATGAT GTTGATTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780
 CACTAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900
 45 AGATACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACTT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080
 50 GATTGATATA GTACTTGATC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTAAT 1140
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

55

1071

	ATTGGTGTCA	CTGTTGGTGC	TGTCGTATCC	ACAACATTTA	TTGTAAAAGT	TGTCGTGAT	1320
5	TTGTTATTG	CTTGGTCAGT	AGACACAAC	GTCACGTG	ATTGACCAAT	TTTGTGTTG	1380
	GTCCCAATGA	TTGAATTCGT	TGCACTATCG	TAACTTAATC	CGCTGGTAA	TCCTGTAAC	1440
	GTATTGTCA	CAGTCCCAGT	ACCATTATCC	GTTGTAGTCA	ATACAATAGG	ATTCATTGTT	1500
10	TTACCCACTT	CTATGGTTTG	ATTGCCTACA	GTTACAGTTG	GTGCTTTTAC	ATCAGTAAAA	1560
	TAATATGTCA	CTGATTGTCC	AGCATTTCGT	ATTTTACAG	TTTTATTGTT	ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT	ATGAACATC	GACGGACGTG	TAGTTATATC	CTTTAGCAGT	CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGaTTAT	CGATTGTCAC	GACTTGATCA	ACATTTCCCTG	AATATGTTTT	TGGTGGAAATA	1740
	ATATCTTTAC	CTGTTGTTAC	ATCAACGTAT	CTCACTTGTG	TAnCAGCAGA	CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTC	CAAATTGTAC	TTGTTGTAAA	TTTGTGCGCG	CACCTGTTGA	GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA	AGTTGGTCGT	ACCACTTTTC	GCAATCCAAT	CTGAAATATT	ACGTGTCCAT	1920
	GTTTGACCTG	CATATTGAC	AGTCATAACC	TTTGTATCAC	CATTATAGTT	AATATCAAAA	1980
	TCTTGGAACG	TGTTATTTGT	AGGTTGaACA	TTTAACTTCG	CAGCATTATC	AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT	ACGTTGTCGC	AACACCATAA	CTATCTGTTG	TTACAAATGC	ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG	CTACATTAGA	TGGGTCAGCA	TTCGCCTTTG	CAGCTGAATT	TGGTTTAGAT	2160
30	GTATTGTGAT	ACGTATCCAA	TTTGAAGCCA	AATGCGTTAC	TTAAGCCACC	AATACCTACT	2220
	GCGGCACCGT	TTAACCCCTGT	TTACCTAAT	ACACCTGGTG	AAAAGGCAAA	ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT	TTCCATGCCC	TTCAATTTTG	TTACCTAAAT	TTACTTTTCC	AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT	TAGAGTCAAT	ACGTGTTCCCT	AATGTAATAG	CACCTTTTGTG	GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA	ACGTCACAAT	ACCGGTACTT	TGATCATAGG	TAGCATTACC	TGACGTTGTC	2460
	ATATATTGTT	TTAAGTTATC	TTTATTAACT	GTAATTGTAT	TAGCAGTTAC	TGCGGTTGTC	2520
40	GTCgCTGctG	ACGCAAATGT	TGACATAGCT	AAGCGACTGA	AAGTTCGAAG	TTTACTGTT	2580
	GCGGTGCTAG	TTGACGTTGT	GCTAGTTTTG	TTTAAGTTGA	CCGAAGATGG	CGTTGTGCTT	2640
45	TGTGAAGTGT	TATTTGATGC	AGTACTTTGA	TTTGTGTATG	TATTAATTGG	TTGTTCTGTA	2700
	CTTGAAGTTG	AAGCTACAGA	TTTAGTATCA	GAACCTGATG	TAGTATCTT	TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG	TAGATGTCAA	TTTCTCTTGT	TGATTGCTTG	TACTATTAGT	TGTCGAAGTG	2820
50	ACCTTTTCAG	ACTTTTCACT	TGAGACTGTG	TCACTATTTG	ATGTTTGTAC	CGAACTACTA	2880
	TTTtTCGTTA	CACCTGTGGA	ATCGGCTGTT	GATGTTGATG	CTTCGATTGT	CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA	CTGTTTCACT	TTGTGTGTTT	AATTCAGAAG	TTAATGGTGC	ATCAGAAGCC	3000

EP 0 786 519 A2

GTTTTCAGTC CGTATCCCGT CATTTTTTTTA CTAATGCTTT GATTATCTTG ACTCACTAAA 3120
 CTATGACTAA TAAATGGTAG CCCCATAAAT TTGAACATTT CTATTTCTTT AATTCCGGAT 3180
 5 TTTACCCAAT TTTTTCAGTA TTTATAAAGT CTTACTCTTG TTTTTCGTT TGCTAAGCTG 3240
 TCATGAAATG CTTTCTGTCT TTTACTCATG TAATAACTCC TTGTATTATC TTTACATTCA 3300
 10 TTAGATTATA ATATATGCCA CTATTCAATT TAATACAAC TTTTTTTGAT AAAAAATAC 3360
 TCATTTTGTT AAAATTTGTA AAAATTGcATT TTTATTCGTC TAAATGTAAT CGTTTTTCATA 3420
 TTTTAAAAT TACTTTTTCT CGTTTATGCG TATAATCTTT TTTTATATAA ATTTGGCTAA 3480
 15 TTGGCTTTAT GTTTAATCAT TATAATTGTT TCGTTTTTAA AATAATTATT GTATTAATAT 3540
 ATCTATACCA TCCACCTTTT ATTTATAAAT AGTTAATTTA CAACTAAACG ATAAATATTA 3600
 TATGCAAAAT ACATCTTTAA TATTAAAGTA ATACCAATAT TTTTCAATA AACCTAGTGT 3660
 20 AATATATGTG TAATTCTAAA AGATTCTTCT TTA AAAATAT AAATACCACG ACATATTGCT 3720
 TTAACATTTT CATTTATAAA GCGAAAAAAT GCATCGCTAC TAAGTTGAAT GTTTAGTAAG 3780
 GATGCATTGA ATTCACTAAA ATGATTAAAT TACTTATATC TTTTCATCTG ATTGATTATC 3840
 25 GAAATTTCTT CCTTCTAAAC CTGCTAACTC TTCTTTAGAA GCTGCAGGTG CTTTCATTTT 3900
 AAATATCTCA TTCACTACTG TGTAATCGTA ATATCCTAAT CTGGCAATAG GTTTAATCGA 3960
 CTTAATGTCC AATTTACCAT TATCAAGAAT AACCTTATCG TCAATATGAA CTGGGCAAC 4020
 30 TCTTCTATA ACAATATCTA CGGTAGATAC TGGATCTCCA GTTGAATAC GAATCGTTTG 4080
 AACGTACTCA CATTCAAAAT GAACTGGCGA TTCTTTTACA CGATATCCTG GAGCTTCTAT 4140
 ACATTTTTC TTTGTTACAC CTGCAAAATT AAATTCATCC TCTTCTGGTG GCAATGCTTT 4200
 35 CGATGATAAA TTAAGTCTT CTCTTAAATC ATACGTTGCC ATATTCCACA CAAACCAACC 4260
 TGTCTCTTCA GCATTTTTC CTGTATCTTT ACGTTCGTGA TCACCAAGAA CGGATTGATT 4320
 40 TGCTGCGAAC ATAACCATAG GCGGATCCCA AGTTAAGTTT TGATACTGAC TATAAGGCGC 4380
 TAAATTATCT TTCCCATCTT TCGATACAGT AGAGATCCAC CCTATTGGAC GTGGTACTGT 4440
 ACTACTTTTA AATGGGTCGT GCGGTAAACC ATGACTTCTT ACACCTTGTT TTGGCGAATA 4500
 45 ATTCATACTA TCTTCACCCC TTATAAGTAA TTACATTTAA GGTTACGCCC TCTTTACATA 4560
 AGCGTCTAAT ATAAATAAAC AATTTATTTA TAAGTAGAAA CTATATATGA CGTGGTTGCT 4620
 50 TATAATTTGC GTTCTTGATT CGAAAAATC AGATAAGGAT TTATACAATT AATATTTATG 4680
 ATATCTTTTG TAAATTTAAT TAATTATAGT TACTTCAATC ATGATTAGTT TATAATAATA 4740
 AAGTGAAATT GAAAAAGACA GCTATTATGC GATGAGCGAA AAACCTCAAG TAAAAACAAGA 4800
 55

EP 0 786 519 A2

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920
 GTTACAATCT TTGATTAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTGTGAC AGTTTTATAA 5100
 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTTAAAATCG GGATACTAAT 5160
 10 GTATTTCCAT C 5171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3589 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTAAATA 60
 25 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180
 30 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240
 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTGGCGTCG 360
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTIACA AGCTAATATT 420
 TTCATAACGA TGATTGTGTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480
 TTCCATCCTG CCAAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600
 GTTATCTTAG CAGTTCATT CATTGATACT TTGTTGCGAA TGATTGACG TGTGAAAAAA 660
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTTCG 780
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATT A GGTGTTGTAT TAATGTTGT ATTAATCATA 840
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

55

1074

	ATTTACCGTC	TTATGATAGT	GCTTTTATT	TTTATTTCAGT	TGGTATATCG	AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT	TTCTTCAGTC	AAATCGAAAT	TTCTTCAGT	CATTTGATTT	AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC	ATAGTCACTT	TTAACGACAT	CGATATAGTA	GCTTACCTTA	TCAGTGTAAG	1260
	TTTGGTTTCT	TAACATAAAA	TGAGTTGAAG	CTAATTCATA	TTCAAATTTA	CCAGTTTGAT	1320
	CATAATTCAG	TGTTACTATA	CATGGTACTG	CTTCTCGTAG	TTCGACACGC	CCGATATCAT	1380
10	AAATGACGTC	TCTAACAGCA	CCGCTATAGG	CGCGAATTAA	ACCGCCACCA	CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA	ATATCTTGTT	ACTACGACAC	ACGCATTATG	aACATCGrGC	TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT	TGGGaCACCG	GcAGTTCctG	TCGGTTCACC	ATCATCATTC	GcnTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC	AGGTCCAATA	GTATATGCAG	AACAATTATG	AGTGGCATCT	TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC	AGCAATAAAT	GCTTTaGCTT	CATCTTCATT	TTGAACAGGT	TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT	TGATTTACTA	ATCACATTTT	CAATAATGTG	TTCTTTTTTA	ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGtGT	CATAATAACT	CCTTAATTCA	TAAGCTTAAG	ATTATTTAAT	CTTCATTATA	1800
	CACTGAAAAT	GACATGACTA	TAAATCGTTT	GATTGCCATT	TTCTTTTTTA	CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTCG	TATGAGTATA	TTTTAGGAGG	ACGACTATGA	AAATTGCTGT	GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT	ATCTGTCGCA	GGACTTAATC	GATAAATATA	ATATTcAAAT	AGCGCCATTA	1980
	AGTGTGACTT	TTGAAGATGG	CAAGATTATA	CCAGAAGAAA	AAGTTCGTAC	TAAAAAGCGT	2040
30	GCCATTCAAA	CATTAGAAAA	GAAAGTATTA	GATATTGTAA	AAGACTTTGA	AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA	TAAATGGAGA	TCATTTTCGAA	GATGGTCAAG	CGTTATACAA	AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC	CTTCAGCTTA	TCAAGTAGCA	TACTCTGAGT	TTGGTCCAGT	TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT	CTGGTGGATT	AGGTTTAGGC	TATGTTGGCA	GAAAAATAAG	ATTAACATAA	2280
	TTAFAAAATT	TTAATAAAAG	AGTCTATATT	GTAATTGGAA	ATTATCTCTC	GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT	TCATCATTTG	AAAGCCAAAA	TGCTAAAGAT	ATAAGAAAAT	CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT	TTTTACGTTG	AAATGAGGTT	TTAAGCATTa	AACATTACGG	GAAATTAATT	2460
	CATCTCATA	CTTCACCTTAC	TAATGAAAAA	ATTAAAAAAG	AAGTAACAGG	TGTCATCAAA	2520
45	CAAAATTCAA	ACTATTATTG	TGTTCAATGT	GAAAGTACAA	ATCCAAAGCA	TTTTTATCAG	2580
	TATGATTCTT	CAGTACATTC	CAAGAAAAAT	GTATATTGCA	GAAATTGTAT	ATCACTGGGT	2640
	CGAATGGATA	ATGTAACAAG	ATATAAAATA	ACAGAGAGTT	CGCAAAGTTC	ATCACAAGCA	2700
50	TATATCATC	TCTCATTTGA	ATTGTGCGAA	CAGCAGTCTT	ATGCCTCAGA	ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA	GAAAGAGACA	AACGATTTTG	TTATATGCCG	TAACAGGTGC	AGGTAAGACA	2820

EP 0 786 519 A2

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180
 10 ATTCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300
 15 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT ACACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360
 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATTT CGATGTCATT 3480
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTTGTTATC 3540
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

35 TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGGCAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60
 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120
 AAATAAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTCAAGC GCAGATGAAG AAATTGGACG 180
 40 TTATATTCTT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420
 GGTTCAATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAC 480
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGGTGGCAC ATTTACAGCT GTTGCAAGTAA AAGCACCTGG 540
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

55

EP 0 786 519 A2

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840
 5 AgTAgtGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960
 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017
 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1409 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:
 20 TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60
 TATTTAAATG GCTTGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCAATTATC ATTTCAACTA 120
 25 TTTCCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300
 30 TTTTCACAGC AATTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTTGGTT 540
 ATGGGTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600
 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660
 40 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTCAGAAA 780
 45 GATTAAATGC TATTTTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTAAAGCGCA GTCATTACAT 840
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTCCTCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAAAAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080
 55

EP 0 786 519 A2

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTGCAGA CTTGAAAGCA 1200
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTCAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260
 5 ATAAAATCTT ATTAAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTTG TCCCTTTGGC 60
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGCnG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGCnT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300
 30 TAGCCATTTG ACGATTCAAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420
 TTGATTTCTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAG 600
 40 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTATTATAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660
 CTGAGTTTTT TCACATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTCGAATG 780
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTTGG TTCATCTTGA CGATTTGCTT 960
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

55

EP 0 786 519 A2

	TAAATGAGG AtCTGTTGCA ACAGTTAATT GATTAATATC ATTACTTTTA ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC TTTGACACCA TCATTAATCA AACTACTTGT GTCTTGCGCA ACTTG GTTAT	1260
5	CGTAATCTGT TAAATTAATG TGTTCGTCTA ACGGTTTTTT CAAATTATAT TCATTTTAT	1320
	AACGTTTTGC TTCTTTGACA ATTGCTTCGT ATTTATTAGC TTCATCCTCA TTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA GTCTTGTTTA GACATGTTAT AGATAAATGT TGTATCTGTA TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAAATATC ATCATGAAGT TGTTTCTCTA AGTTTTCAGC GAATTGAGCA TTGTTCAATT	1500
	TAATGCTATT TAGCGCATCT TGTAAGTCTT TGTTATTTGC AAGCTCATCT TGCAGTGATT	1560
	CTGTTAATTG CTTACGATA TCTTCAATCA TACCTTTTGA AAATGGTGAC TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT TCTTAATTTA TCTAAGTTTT CTTAACAGT TTGTTTATAT TCTTCTTAC	1680
	CTGTATCTTG CATACTTGAT TGTTGATCAA TTTGGCTGTC CATCTGTTTT AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC AAGTTCCACG CTATCTTTTT GCGATTTATA ATCTTGTAAC ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT GTGCTCGTCA AATAATGAAT TTTGTTTTTC AATTAAAGTC GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT CACTCTGAAC GTATCTGAAT TCGCACTCAA TAATGATTTA TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT TGTAATGTCT TTGTTTGAGC AAATTGAATT TACAAGCGTA TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA GTCGTTAATT GGATTTAATA AGTAATTCGA GAATTTACTA TTCACCCAT	2040
	GTTACGCGT CATAATAGCG CCAACATTTT TTTGTGCATT ATGTAAATTA TCAATGATGC	2100
30	TTGTTAAATA AATTCGACT AAGTTTTTGT TAAAGTCGTT AAGTACATTA CTTACAACCT	2160
	TTCTGTGTT TTTAGCTACT TCTTCTTTTT GTCCTACAGC TGTTTTATAC TGTCGATA	2220
	TTTTCGATGG TGTTTTAGCG TCTAATTGCA TTGCCAATTT TGAAAAGTTT TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC TTGGTATCCA CCATTTTCA AACCAGACTC AGCAACGTTT CTGTACTG	2340
	TTTCAAATTT ATAGTTTTTC TCATTTGCTA ACCTTTTAAT AAATGCTTGA CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC GTTATATGTC GTTGGTTGAT CCTCGTTAAC AATTGCGATA TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT ACTTACACTT TGGGATCCTT TTTCTGATT ATCTCCATAT TTTGTTGAA	2520
	CAAAAAATAT CATACTAACT ATGGCAATTA TAATAATTAA AGTGACAATT AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT CTTTTTCATG CTTATTTTCT TTCAGTTGTT TTCTTAAAAA AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT TAGAAAATGT GACTTTGCCA ATTTCAGAAT GCTTATTGCA AACCGAAAT	2700
	ATTAGAAAGT TGTTGGTCTT GTTCTTGAAC GGCATCAGCA GTGCTATTCA ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT AATAATTGTG CAAATTTTTT TACTTTAGGA CTAAGTTGTT GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG CTGAAAGCTT GACCTTCCCA GTTCGCTGCA ATTTACCTT GTGCACGkGT	2880
55		

EP 0 786 519 A2

TCTGATTTCC TCTGGACTCA TCTTAATCAT TGCCATAACT AGAAACCTCC TGAATATTTT 3000
 AAGTTTATCa AAAC TTTTTA GGGACACTAT TTTTGA AAA AGTGCTCCTT ACTCAAATAA 3060
 5 TATATAAATT ATTAGTATAT GTATATAGTt TTTTAAGTAT TTTTAGCTTT TTTAAAATAA 3120
 ATATATTGAA TATAACCATA TATTTTAAAT TAACCATTCA TTTTGTAAT ATAAATGTGT 3180
 A TACTAAAAT TAAATTAAAT ACATAAAGGA TTAAATGGTT ATTATGAAGA AAACAATTTT 3240
 10 ACTGACGATG ACAACTCTTA CTTTATTTAG TATGTCGCCT AACTCGGCTC AAGCATATAC 3300
 GAATGATAGC AAAACATTAG AAGAAGCAAA GAAAGCACAC CCAAACGCAC AGTTCAAAGT 3360
 GAATAAAGAC ACCGGCGCGT ATACTTATAC ATATGACAAA AACAACACGC CAAACAACAA 3420
 15 TCATCAAAAC CAGTCACGTA CAAACGACAA TCATCAACAC GCAAAATCAAC GTGATCTTAA 3480
 CAACAATCAG TACCATTCTT CATTAAAGTGG TCAGTATACG CACATTAATG ACGCAATTGA 3540
 20 TTCACACACA CCGCCTCAAA CGTCACCAAG CAATCCTTTG ACACCAGCAA TACCGAATGT 3600
 CGAAGACAAT GACGATGAAT TAAATAACGC TTTTTC AAAA GATAACAAAG GGCTTATTAC 3660
 AGGCATCGAT TTAGACGAAT TGTATGACGA ATTACAAATC GCCGAATTTA ATGACAAAGC 3720
 25 AAAGACCGCT GACGGTAAAC CTTTAGCATT AGGTAACGGT AAAATCATTG ATCAGCCTCT 3780
 TATCACAAGT AAGAACAAC TATATACTGC TGGACAATGT ACATGGTATG TCTTTGATAA 3840
 ACGTGCCAAA GATGGACACA CGATTAGTAC ATTTTGGGGA GATGCTAAAA ACTGGGCAGG 3900
 30 CCAAGCTTCA AGCAATGGCT TCAAAGTAGA TAGACACCCA ACACGAGGAT CAATTTTACA 3960
 AACAGTAAAT GGTCCATTTG GTCATGTAGC CTACGTTG rA AAAGTTAATA TTGATGAAG 4020
 TATTCTAATT TCAGAAATGA ACTGGATTGG TGAATATATC GTTTCATCAA GAACCATCTC 4080
 35 TGCTTCAGAA GTTTCATCAT ATAATTACAT CCATTAAATT AATCATGACA TCAATAAAAA 4140
 GCGAECAGTT CGCAGTTTAC AATTCGTAAC ACTGCAAAAT TGGTCGCTTT ATTTTGTATG 4200
 TTATTTCGATT ATAAAATTAC AAAGAAATGT TCTCTACATT CCCCATTAAT CAAAATCGTT 4260
 40 TACGAAAGTA TAATTGTAGC TATAATAATC CAAGTCGTAA CAACTAGTGG CACTATCGTC 4320
 TTGAATAAGA ATATACCGTA TTTTTCCTTG CGATATATAT CCAGTACTAG CCAAATTA AA 4380
 45 ATGATTATAA CACCAACAAA AATAAATACA GGATTCATCG ATATAGCATC TGCCTGTAAC 4440
 TCAGGTTGCA TTCTTAATTT AGTGATAATT AACATCACTA CTGAAATAAT GAAAAAGTAG 4500
 ATACCTCTTA TCTTTGATGT CTGTAAATCT AATTCCTGCT CTTCAATGAC CTCTTTAGAT 4560
 50 TCACCCAATT CTTTTCGAAT CAAATAATTT ACTACCTTAG GTTTCACCCA TAAACACTTA 4620
 ATTGCAAAGT ACATAAAAAAT ATATGATCCA GTATCCATAA ACATTAAAAA GTTGCTTAAA 4680
 55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2004 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

```
ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA      60
TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT      120
AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCCTA TTTAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT      180
TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTSTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA      240
AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAAACAA GGAATGCTTA      300
CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTtCTAAA AATGCTGGAC      360
AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCMATATT AATCATATCT TGTTCGAAG      420
CAGGCTTACG TTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA      480
TCGTTAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT      540
CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTAGTCGC TTTTGCTTA AATGGTGTTG      600
TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT      660
CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG      720
ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTG GTCATAACCT TTATACTTAA      780
TATAATCTGk TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTTGTT      840
TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT      900
CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTC GGTTCAAAAT      960
AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA     1020
ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT     1080
CGTGTAATTT GATAtCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC     1140
GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA     1200
TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTGTGA GCAACGACTA     1260
CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTCTTTA TTGCTCAAAC     1320
CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA     1380
```

EP 0 786 519 A2

CCAATATAAA TTTTGTGACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500
TAGTACTCGT TTTAATTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560
5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620
ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACTCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680
AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTAAAAAAT 1740
10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800
CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGTAG TCAAACTACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860
TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920
15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGrTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980
CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2244 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60
TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120
GATTTTCTGG TGTTTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180
35 CGTATAACAA ATATTTCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240
CGTAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300
TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360
40 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420
AGAGATCGCG CTGATTTCTG GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480
GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540
GCAAGTTTTA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600
TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660
50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGGTGATAAA TGGTTTAAAA 720
CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

55

	ACCTAAGAGG	TGTGGATATG	AATAAACACA	AGAAAGGTTT	TATTTTGGGA	ATAATAGGAC	900
	TTGTTGTCAT	ATTGCTGTT	GTCyCaTTTT	TATTTTCTC	AATGATATCC	GATCAGATAT	960
5	TTTTCAAACA	TGTTAAATCC	GACATTAAGA	TTGAAAAGTT	AAATGTTACA	TTAAACGATG	1020
	CAGCAAAGAA	ACAAATAAAT	AATTATACGA	GTCAACAGGT	ATCAAATAAA	AAGAATGATG	1080
	CATGGAGAGA	TGCATCTGCA	ACTGAAATTA	AAAGTGCAAT	GGATAGCGGT	ACTTTTATCG	1140
10	ATAATGAAAA	GCAAAAATAT	CAATTTTTTAG	ATTTATCAAA	GTATCAAGGG	ATTGATAAAA	1200
	ATAGAATTAA	ACGTATGTTA	GTAGATAGAC	CAACGTTATT	GAAACATACG	GATGATTTCT	1260
	TAAAAGCTGC	TAAAGATAAG	CACGTTAACG	AAGTTTATTT	AATTTACAT	GCATTATTAG	1320
15	AAACTGGCGC	AGTTAAAAGT	GAATTAGCTA	ATGGAGTCGA	AATTGATGGC	AAAAAGTACT	1380
	ACAATTTCTA	TGGAGTAGGA	GCCCTTGATA	AAGACCCAAT	TAAAACAGGT	GCAGAATATG	1440
20	CTAAAAAGCA	TGGTTGGGAT	ACACCTGAAA	AAGCTATTTT	AGGCGGTGCT	GATTTTCATTC	1500
	ATAAGCACTT	CTTATCAAGC	ACAGATCAAA	ATACATTGTA	TAGTATGAGA	TGGAATCCAA	1560
	AAAATCCAGG	AGAACATCAA	TATGCTACAG	ATATTAAGTG	GGCAGAAAGT	AATGCAACAA	1620
25	TTATCGCTGA	CTTTTATAAG	AACATGAAGA	CTGAAGGAAA	ATACTTCAAA	TACTTTGTGT	1680
	ATAAAGATGA	CAGTAAACAT	TTGAATAAGT	AATTTGATAA	GCTACGAGTT	GTTTTTATGA	1740
	CTCGGACATA	CTAAAAAGAC	GCTTTCTATC	TTGTTTTGAT	AGAAAGCGTC	TTTTTGCATT	1800
30	AGAGAAAACA	CATTGATkGa	TAAtCCCacC	aATGCAAgTG	GGGcAGGACa	TCGATAAAGA	1860
	ATTACTTTTT	CTTTAGAAAT	TAGTATTTCT	TATGCATGAG	TTTTACTCAT	GTATTCCTAT	1920
	TTTTAAGTAC	ACATTAGTTA	TAGCTAATGA	TAAAGAACCA	CTACATAATA	AATCATTAGT	1980
35	GTTTTTTTAT	CATTTCTGTC	CCaCTCTCAT	CGTGATTTGA	AATTTTCAAT	TGCGATTTTA	2040
	ATTTTCATCTC	TTACACGTTG	GAACTCTGAC	CAAGGCTTGC	CTGCAGGATC	ATCAAATCCC	2100
	CAATGTTCTT	TCTTAACATT	TGTTGGTAAA	GAAGGGCAAT	TTACGTCTGC	ATCACTACAT	2160
40	AATGTAACAA	CTAAATTTGA	ATTTnTAATA	ATATTATTAT	CGGATTAAAA	TCTGATGGAT	2220
	GATTTGATAT	ATCAATGCCT	ACTT				2244

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1371 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60
AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120
5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180
TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240
TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTG TTGAAATATT TGCATTGAAG GCAAGAAGTA 300
10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360
GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420
CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480
15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540
TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600
CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660
AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTGAGA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720
AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780
25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840
TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900
AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960
30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020
AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080
TTCTAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140
35 GTATAAAGG ATTTAAAAA TAATAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200
TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260
ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320
40 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 6035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear
50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55

	CGTAAAcCTA	TGCGTTTTAA	TATTCTGAAG	TTACTTAGTT	CATCCTCAGT	TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT	AAATAATACA	TCCAGCTGCT	ACTAAAAATG	CTAATCCTAA	AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA	GAATACCGTT	AGTAGCATcG	ACCTCTTTTT	TCATTTTCATC	ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC	CAAACGTGTT	TGCAATTGCT	TGAGCTTTTT	CCTTTTGTTGA	TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC	CATAAAAAGT	ATGAACGTTA	TTTTGTGTTT	TCAACTGCTG	ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT	CGATGACAGG	TGAGTTGAAG	CTTAGATTTA	AAGGATAAAC	CTTACCTTTG	420
	TCTTCTTGTG	TACACGGAAA	GTTTCATTCT	TAGTACCTTT	TACTACTAAA	TCCTTGTTTA	480
	AATGGATATT	AATAATGTTA	GGCAGCGATT	TTGTATTTGT	AATGATGGCA	TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT	ATTGCACTT	AAAATAGAAT	TCGTGCGACC	TGAATCACTA	CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC	CTGATCATTA	ACATTATCTA	CAGTAATAGT	TTGTAAGCA	TTTTTAGAAA	660
20	ATGTAATTG	TTGTTGGCTT	AGTTTAGTTT	CAAATTGTTT	AGCATCTTGA	GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC	ATTGTTGCC	ATAGATGTAA	GGGTTTGATC	TGTATTTGAT	TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA	CAATACAGTT	ACTGTAACTG	CAGAAATAAT	TGCAATGATA	GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTTTT	CTTCATTCTG	TACATAATAG	ACGATGTGAA	TACAACATCG	GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT	TTTTGATTTT	TTCAATGTTT	TAAAAATAAG	TGACACGGAA	CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC	GCCTACAACC	GTTAAAAATA	AAATGATAAA	CGGTGATGTC	ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT	GAACGTACCA	AACATTTCTG	TCGCCATATA	ATAGCCTAGT	GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA	TACGCCTGAA	ATAACCTCTG	CAGTCGTTAC	TTTAGCAGTT	GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA	ATCTTTCATC	ATTGATAAGA	TACTACGTCT	TTTTAGAAAT	AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT	CAGTACATAC	GCAATAATTA	GCATGAAAAT	AGTTAAACA	AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG	TATCGATAAG	TTAATCGATA	ACGACATCAA	TTTAGATACT	ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC	ACCTGCAATG	CCACATAATA	CACCGACAAC	ACCTGTGATT	AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc	AAGTGCTAAC	ATTThCAAAA	TGTTTTGTcG	TGTTAAACCA	ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA	TTCACGTGTA	CGGCGTTTTA	CGrmTAAATG	ATTGGCATAc	ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT	GATAAATAAA	AATATTGATC	CGACTAAAGC	ACCTTTCTTA	ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC	ATTATTTACA	CCTTTAGTAA	ACTGTAAGGT	TGTAAACTG	AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA	AAATAATGAA	AATAAATACA	TTGCATAATG	TTTTAAGTTT	TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC	GATATGGTTA	AATGTCATTT	GAGACACCAC	CTAATACTGA	TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT	CATAAAAGGC	CTGTTTAGAA	CGTCCTTCCT	GATAAAGTTG	TGTATGAATT	1800
55							

EP 0 786 519 A2

ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA 1920
 TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG 1980
 5 TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTGTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG 2040
 TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC 2100
 ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT 2160
 10 AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTG 2220
 GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCCTG TAGCAATCcg cTACCGCTAG 2280
 15 AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC 2340
 CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTTGTA TGCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA 2400
 ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC 2460
 20 ACTCCTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGGG GTAGTAGCCT TTATCTAAAC 2520
 TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArcTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG 2580
 AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG 2640
 25 ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA 2700
 TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT 2760
 AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTACA 2820
 30 TTTCCAATTG AAAATTTTTA TGCTATTACC TGTTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC 2880
 GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT 2940
 TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTTAATGTT 3000
 35 GGCGCAAGTT CAGCATTCCT TATTTATATG TTGCTTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCTATC 3060
 TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTCAGT GATTTTTAAT 3120
 TTATTAGGTA TTGTTTTCGG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAATGGG TATCGTCTTT 3180
 40 ATTTCCACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA 3240
 CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT 3300
 45 CCTTTTGTG GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG 3360
 CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC 3420
 CAAAATATTT TTCTAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC 3480
 50 TACCATTTCCT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG 3540
 GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCGA 3600
 55

EP 0 786 519 A2

	AATGATCATT TTCGAATTTT TGAACATAGA AAATATCCTT GTCTTCGTTG TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT ACCACTGATA TCAGTAATTG GTTGTGTATG CTCAGATGAA GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG AGGTAAGTCT CCAAAGCCAA CATCAGTTAC ATAGAATACA TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG TGAAGCATGT GAACCGTTCA GACTACGACC GCCACCGGGw GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT TAATTCAGGA TTAAATCCTT TTTGTTGTAA ATAGGCTTTG AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA ACAAAAACCA CCACGTTTAT CATGAACAAT TTTATTAAAA AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA TATCGGCTTA CTATTTTGAA CATCAATATT TTCAAAAGGT ACAGTTAACA	4080
	TAAAACGTGT TGCATAATAA TTTAATGCTT CAATACTCGG TCGATTATAA CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA ATAATTCTCT AACTTCGCAA TATTCATAAG CATAGCGCCT CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT TAAATTTTAA ACAGAAATAC TGAAATTTTA AATTCGAAAG CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA CATTTTAAAT AGAAAAATAC GCTCTCAAAA TGAAGTCATC TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA GATGACTACT GAGAGCGTAg CATAATGGAA GAAGTGTGCA GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA ATACAAAGGT AGTTGCAAGA CAAGTTGCCT TATCTAGACC ATTTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA AACTTCCAAA TTAACTTGA AATAAGCCAA GTAATTAAAA ATAATGCAAC	4500
	TAAATATAG CCTAAATAAT CAAATTCGAT CGAACCAATG AATGCCCAAA ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC TTATCAGCAA GAATTTGTAG CAATTCAATC ATCCCAATCA CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT ATCGCAGTAA TCGTTATATT GTAATAGATT TTGCGAATAG GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA TAGGCATACT TCATTACAAC ACCATCTAAT GTATCCAATA AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT AAAATTGGTA AAGATAAGAT TCCGATAAAT GAAATGGCTT GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA AGAGCGAGTA ACGCAATTTC ACTAGCTGTA TCAAAAACCA GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT GGCAATACGT GCCAACTACG CGTGATTAAT TTGAAATAAG GTCCTACAAA	4920
	TCGAGAAACC AATCCTCTAG ATTCAAGTAA TGCATCGACT TCAGCTTCTT CAATGTGTTC	4980
40	ACGACGTAAT TTAGCGAACA AGTTAATTAA AGAGATTAAA ATAATTAGAT TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT AAAAAGAAAC CTGAACTAG TGTACCAATC GTTCCACCAA TATCTTGAA	5100
45	ATGCGGTAAT TCATCTTTAG CCCATTTTAC AGATACCCCT AAAAAACAG CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT GAATGTCCAA TTGAAAAATA GAAACCCACA CCAGATGGAT CTTTGCCTTG	5220
	CTGTAATAAT TTGCGaACCG TATTATCTAT TGCAGCAATG TGATCTGCAT CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT AATGTATATG CAAGAATCCC CaTACCAAAT AAGATATGAT GGTC'TTTTCC	5340
	AGCAATCCAT AAAAAACTAA ACCCAATAAC GTGTAACAAA ATGACAATAG CTATGTATGG	5400
55		

EP 0 786 519 A2

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA 5520
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTAcCAGTT 5700
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880
 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACCT ATAAAATCTA TCATTGTGTG ACGTTTAGGC 5940
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAGAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAGCT TGTTT 6035

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1039 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60
 TTCACCTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTTAGA ATTCTTCTG CTATTTTACA 120
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420
 AAAATAAACC ATCAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540
 ATAACCTTCT CCTTCAGGCG CTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCGGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCTC 660
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCAATG 720
 AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

55

EP 0 786 519 A2

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTTCGATTT 900
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1496 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

20 GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60
 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATAmaCAAC 240
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACCTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTGTATTG TTAGTATATA 480
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660
 ATGCTGTGTG TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720
 40 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACTTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAACTC 840
 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900
 45 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTCGAGTTG GCGAAAAAAG 1020
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTTCTGGAA TTACTGaTAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

55

	TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA	1260
	TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT	1320
5	TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT	1380
	TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGAGTT TAGTTGATGC AAACCTACGT GAGCGACAAT	1440
	TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG	1496
10	(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:	
	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:	
	(A) LENGTH: 4826 base pairs	
	(B) TYPE: nucleic acid	
15	(C) STRANDEDNESS: double	
	(D) TOPOLOGY: linear	
20	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:	
	CTTGATTTTT TCCctTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG	60
	GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA	120
25	AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAACTATAA	180
	ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC	240
	CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA	300
30	AATAAATTTC ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT	360
	TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT	420
	TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG	480
35	GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAATAATAC AATTTTGGCA GGCTCTACTA	540
	AAATACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA	600
40	TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA	660
	ATCTTAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTTC AAAACCTTGC GCGGTTCTAG	720
	GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAC AAGTGGACCC ATAATCATTG	780
45	CACCAAGTAA CATTTGGTGA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG	840
	CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG	900
	GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC	960
50	CATTATCTAT AAAAAATGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA	1020
	TGATCACTACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT	1080

55

EP 0 786 519 A2

TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGTCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG 3000
 TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT 3060
 5 TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA 3120
 TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTG TTTATCGGAC 3180
 GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA 3240
 10 TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG 3300
 AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA 3360
 ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG 3420
 15 AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT 3480
 CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCACTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG 3540
 20 ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTT TTAGAATCAA 3600
 TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTtagATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT 3660
 TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT 3720
 25 GTTTTATTTA TTTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTtAT GTTAATATGA TTTTATGAGA 3780
 AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC 3840
 GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA 3900
 30 AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG 3960
 CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG 4020
 GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAAGTGAAG 4080
 35 AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG 4140
 GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG 4200
 TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC 4260
 40 GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTAATTTTA GATGAGCCAG 4320
 CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG 4380
 ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA 4440
 45 ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG 4500
 ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT 4560
 50 GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA 4620
 TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA 4680
 55

EP 0 786 519 A2

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4846 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

10

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

15

GAATAAAAAG TAAAATTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120
20 TTCGTTTTCT AAATTTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTTAA CATTACCTTT 180
TGCTTGTTCA AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TACTTAAAT AATTTTTGAT 300
25 ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCACGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480
30 GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600
TTAATGAAGT CTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660
35 TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTT CGATTGCAA GTTCGAATTA 780
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840
40 TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTATTTT TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900
ATTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960
45 CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140
50 GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTAA 1200
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

55

EP 0 786 519 A2

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGTGCTGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
20	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTCAT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAAC TTGTCGCTCA ATTAATCTTT TTTGGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCCTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTCTCTAA TTTTATAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTTCATCTG TTGTTTGGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060
55		

EP 0 786 519 A2

TTCCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG 3180
 AGAAAGCAAT AGTAGATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAACTTTA TGTGAATTGG 3240
 5 CACCATTICT ATATAAGACG GTTGCCGGC TTCGTAGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG 3300
 ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTCGTCA 3360
 ATAACATTTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATT AAATGCATAA ATTCGTTTTA 3420
 10 CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTGTC ATATCTTTAC 3480
 AAAACTGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTCATTAG 3540
 15 CAATGTCTAA CATCTTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA 3600
 TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA 3660
 TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA 3720
 20 GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA 3780
 CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT 3840
 CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATACAGT 3900
 25 GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTT CATGAGTACA AATAATATTG 3960
 ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACCAATTATC 4020
 ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAAATC AATAAACATC TGTCAGTGA 4080
 30 TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT 4140
 ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC 4200
 TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG 4260
 35 AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT 4320
 AAGTĒAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCAA CATAAGAAA TACTTTTTCT 4380
 TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTAATCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC 4440
 40 ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG 4500
 TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCGCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA 4560
 45 GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG 4620
 ATGGGCCCCA ACAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG 4680
 GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT 4740
 50 AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA 4800
 TACATGTAAT CATCAACTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA 4846
 55

EP 0 786 519 A2

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

10	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCTGTTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
25	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
	TATTTAACTA ATGGTGGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
30	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAACTAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAAAAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
45	AGAGAAGGAC AAAAAAGTGA GAAGACAATA ACGACrCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT	1140
	GGAGwAATTA TTAGTAAAGG TGAayCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGayGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

EP 0 786 519 A2

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAAcA 1740
 AAATATGGGa CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120
 GACACATTTA ATCATCTTGG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG 180
 30 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240
 CAACTTTTTCa TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360
 35 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420
 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTC GCAAAGTAAA 540
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTTCGACCA 600
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780
 GTTCTGTAAG TTAATAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840
 CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020

55

EP 0 786 519 A2

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTAACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTGTGAC TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
15	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT	1560
	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC	1740
	ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTGTAG GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTCCTGCAA	2160
	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTTATC	2220
35	CAAGTCTTTG TCATTAACCTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTGGAATG CATTATATC	2700
50	AATATACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTAAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCATT	2820
55		

EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG ATAAC TAACC CAATCAATCT TTTCATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAATAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCTCGT CTAATTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AAAGTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GCACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACTT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTGCA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGCTTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620
55		

EP 0 786 519 A2

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTCAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAaaaaa TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTAA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGTCTG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAAAC TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAC TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTCT TGTTCATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGAGA ACTGCCTACT AACAAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG ACATTTTCGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420
55		

EP 0 786 519 A2

ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC 6540
 CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA 6600
 5 ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTCTGC 6660
 ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT 6720
 ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT 6780
 10 CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA 6840
 ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA 6900
 AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA 6960
 15 ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT 7020
 CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CTTTTGTTA 7080
 20 TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATCCAAAC 7140
 AAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAATAAA 7200
 TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA 7260
 25 CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC 7320
 TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA 7380
 AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT 7440
 30 ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC 7500
 GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA 7560
 AGAAATAGAT GACGTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA 7620
 35 TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC 7680
 TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC 7740
 40 AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT 7800
 AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA 7860
 TTGACCTAGC GCAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA 7920
 45 AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA 7980
 AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC 8040
 TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA 8100
 50 AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT 8160
 AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA 8220
 55

EP 0 786 519 A2

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
GAATTCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
TCTTTTCATC ATTCAC 8536
10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 4328 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

20 GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAACAAA 120
25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTTCG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540
TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACCTCA ATTTCTGGTA TAAAATTGA TGCTGTTTAA 600
40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAATGTGG 660
CATTTTAAA TTCTGAAACA CTGTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780
45 TTTCTTTTGG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840
TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900
AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
50 TACCATCAAT ACCATTGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020
AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080
55

EP 0 786 519 A2

TAATTCTTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT 1200
 TAACTGTTCGT GTCTTCCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA 1260
 5 TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG 1320
 CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA 1380
 10 TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA 1440
 CATTTCGGATG ATCAAATTTT CTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT 1500
 ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGaTCAA CTTCTTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA 1560
 15 TTAAACCTTT TTTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT 1620
 AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAAA TCAGGTGTTA 1680
 ACGGATCTCT AAATGGCAAG TTAATGAA TGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT 1740
 20 GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA 1800
 TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT 1860
 GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCATGCG GACGGTCACT TGTTAAAACG ATTAAAGGAA 1920
 25 TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG 1980
 TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG 2040
 CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG 2100
 30 CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGACTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA 2160
 ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATTT CCCATTGATA 2220
 TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCATA 2280
 TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA 2340
 ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAATAAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA 2400
 40 ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCCTTTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA 2460
 AATTCCTTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGGATGTA AATTATCAAT TAAACTAATA 2520
 TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGTA CAAGTATATAA ATGATCATTT 2580
 45 TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT 2640
 AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTCG ATTAAGTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT 2700
 TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT 2760
 50 TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT 2820
 ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC 2880
 55

EP 0 786 519 A2

ACAATTTTTT CTTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAC TTCAGGTAAT 3180
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 10 AACCCCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420
 15 CGATCTCCTG CCTCATGTG AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTC ACTTCTTTCT TCGTCTTTT TCACTCATTA 3600
 TTATATTGTA TCATTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAATA TATCTTGTG ATAAAAATA 3720
 25 TGATTTAAAG AGGTTTGTG TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTGTAGT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260
 40 TTTATTCAAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATCC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1450 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT 60
 TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT 120
 5 ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTTACTTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG 180
 CCAAATCATG GCAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC 240
 TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT 300
 10 ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT 360
 TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT 420
 15 TGCACCAACA AGAGAACCTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT 480
 TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA 540
 ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC 600
 20 TAAAACGGGA CATTTACATG TGCATTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT 660
 TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA 720
 TGCAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA 780
 25 ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT 840
 CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT 900
 TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA 960
 30 TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTTCATG GTGGCTTAAC 1020
 GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGArACG TATACGTAAT TtaGAATTCC aATACGTTAT 1080
 TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT 1140
 35 TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA 1200
 TTATFrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT 1260
 40 AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT 1320
 TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT 1380
 GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT 1440
 45 TAAACAAGAA 1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 50 (A) LENGTH: 1139 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60
5 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATIG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120
AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180
TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240
10 AAGGTTATTA TGTGTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300
GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360
15 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420
AAATTGTAGA TTATTGTCTG GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480
TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540
20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600
TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660
ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720
25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780
CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840
TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900
30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAATAA GCCTTAACAC 960
ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020
GTTATACTAT GGAGGATTTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080
35 AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTTATAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60
50 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCT AGTTGATTTT 120
AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

55

EP 0 786 519 A2

	AATGAAGTTG TTAATAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTTCAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTTGTA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTAAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
15	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCAAGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTACAGC CCATCATTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTC AGATGTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTC	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTECTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980
55		

EP 0 786 519 A2

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGA AACGATATTG CTGGTGTAAAT 2160
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280
 TTTCAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTA CTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460
 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640
 20 TGTAAC TAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCnTTT 2880
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60
 TATGATACGC ATCTCATTA AAATGTAAaTG GTTGCAAGCAG ACGTGTAAAA GGCAAATGAT 120
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACAG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480
 55

EP 0 786 519 A2

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATT CACACAACCT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTTAAGACC 780
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TGGCATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAAC TTTGATGAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTATAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGACG ATATAGATTT 1320
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2202 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTCTA GAGTGAGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCATAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCCA 420
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

EP 0 786 519 A2

CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600
 GTACAGATGT TGTATTTTCAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660
 5 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG 840
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG 900
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG 1020
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTGGC 1200
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG 1260
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTT GTATTTTACG 1320
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380
 AAAATCTGTT ATTAAGACG TCTTAAAAA TGAATATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC 1440
 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAACAC CTGCAGATGC 1500
 30 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgcA AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620
 35 CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740
 TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTATG GTTGGCGTGG 1800
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGrTTAA 1920
 45 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980
 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAActGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTGATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160
 GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT 2202
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

10	AGTGGTGC	AAAGATAGGCAT	TGATAaATACC	GCTAAGCCAG	cAAGATGATG	GCACGATAAA	60
	ACCTAAACAG	AAGAAmATAA	ATAGTAATAC	GATGATAAAAT	AATGGTCCAC	TCATATGTTG	120
	AACTAAAGAT	GATGAAAAGT	GTAAGATTGT	ATCTGAAATC	ATACCTTCAT	TCAACACTAA	180
15	ATTAATACCT	CGAGCTAAAC	CAATAATTAA	AGATACACCT	ACTAAACTTG	ATGCACCATT	240
	GACAAATGCA	TCTACAGTTC	CTTTTCTCC	CAATCCAGAT	TTACCTGTCC	CAGCAATAAA	300
	CATTATTATA	ATTGTAAATA	TTAAAAATGC	TGAAGCCATA	ACTGGGAACC	ACCAACCTTG	360
20	CGTCATAACT	CCCCATACCA	TAATTGGAAA	TGGTAGTACA	AATAATGTAA	GGATTATCTT	420
	CTTACGCAAA	GTAAAATGGG	CACTATCGTC	ATCTTTTAAT	ACAGACCATT	GCTGTTCAAA	480
25	AGCATCTTTG	TCTTCATAAG	AATATGACGC	TTTAGGATCG	TTTTTAATTT	TTTTACAGTA	540
	CCAATATAAA	TAACTAATAA	CAAAAATCGC	ACCGACAATA	CAAGCACCTA	TTCTCCAATA	600
	CAAGCCATCC	GTAAAAGTTG	TACCAGCGGC	ATTAGAGGCA	ATTACAACCG	AGAACGGGTT	660
30	AATAGTTGAA	AATGTACTAC	CGACAGAGCT	GGcAAGGAAT	ATGGCACCBA	CTGGAAACGA	720
	TAGAATCGTA	TCCTAACGCT	AATAAATATA	GGGACTAAAA	TCGGATAAAA	TGCTACAGCT	780
	TCTTC						785

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

	CTAACGnGAT	AAGGTTGCAA	nTTTATCTGA	ACATCTGATG	ACTGTAATTT	TGTtAATGAT	60
	AAAATATTG	TCActAATAG	ATATAAATAC	TGACTTTCTT	GAAAACTATG	TACAAGTAAT	120
50	TGTTCCTTTT	CTATGATAGA	CATATCTTTA	CTATGTGATA	CTAAATATC	TAAATkTCCC	180
	ATAATTGTTG	TTAACGGTGT	ACGTATGTCA	TGCGAAATTG	ATCTTAAAAA	ATTGAATGT	240
	GTCAGTTGAC	GTTcAGCCTG	TAACATGGAT	TCTCTCGTTT	GTTTAAGTAA	CGTCACATTt	300

55

EP 0 786 519 A2

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540
 TGCAATGGTA TTGTTTAAAT TACTTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600
 TGCAATAATT GATTAAATTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660
 10 TGTTTAATCG AATCATTAATA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720
 ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAATAACT TGTnAAAATG 780
 15 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1732 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACAnT 60
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA 180
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGACCT 240
 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAA 300
 35 AAGAAATTAA TTAgtGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360
 AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA 420
 40 CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGCTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540
 TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCCTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTCAT TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840
 AAACATTAAA TAATGAAAT GGCCaAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900

55

EP 0 786 519 A2

	CATTCCAATT	TGCATATTTA	AGTTTAAATGC	aGGAAGAAAA	GATAcAAGCA	AATCATCAAA	1020
	TTACACCAGA	TTCAATTGGA	TTGATACTAG	GATTTTTAGT	TGAGCGTTTT	ATGAACAACC	1080
5	AAGAAGAATT	ACATATTGTT	GATATTGCAA	GTGGTGCCGG	TCATTTAAAGT	GCTACTGTAA	1140
	AAGAAGTGTT	ACCTGraAtT	GcGGTTATGc	ATcATTTaAT	TGaAGTTGAt	CCAGTTTTAT	1200
	CACGTGTTAG	TGTACATTTA	GCAAACCTCT	TAGAAATTCC	TTTCGATGTG	TATCCTCAAG	1260
10	ATGCCATCAT	GCCACTACCA	TTAGAAGAAG	CAGATATCGT	TATTGGTGAT	TTTCCAGTAG	1320
	GCTATTATCC	AATTGATGAA	AGAAGTAAGG	AGTTTAAAGCT	AGGTTTTGAA	GAAGGACATA	1380
	GTTATTCACA	TTATTTATTA	ATAGAACAAG	CAATAAATGC	ATTAAAAGAT	GCTGGATATG	1440
15	CCTTTCTAGT	GGTACCAAGT	AATATTTTTA	CAGGTGAACA	TGTAAAACAG	CTTGAAAAAT	1500
	ATATTGCAAC	AGAGACAGAG	ATGCAAGCAT	TTTTAAATTT	ACCACCAACT	TTATTTAAAA	1560
20	ATGAAAAAGC	GCGAAAATCT	ATATTAATTT	TACAAAAGAA	AAAATCGGGT	GaAACAAAGC	1620
	CAGTTGAAGT	ATTATTGGCA	AATATTCCtG	ATTTCcAAAA	TTCCTTCACC	AATTTCCAAG	1680
	GATTTATGGA	CAGAGTTAAA	ATCCAGTGGG	ATGGGACCAC	CAAATCGTCC	TA	1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

	AAAAGAACTA	GCTAAACGCA	AGCAAGAAGC	TATTAGTAGA	ATTAAAGACT	TTTCAAATGA	60
	AAAAATAAAT	AGTATTTCGAA	ATAGTGAAAT	TGGCACAGCT	GATGAAAAAC	AAGCAGCAAT	120
40	GAATCAAATT	AACGAAATTG	TGCTTGAAAC	AATTAGAGAT	ATTAATAATG	CGCATACATT	180
	ACAGCAAGTT	GAGGCTGCAT	TGAACAATGG	TATTGCTCGA	ATTTCAGCAG	TACAAATTGT	240
	AACATCTGAT	CGTGCTAAAC	AATCGTCAAG	TACTGGAAAT	GAATCTAATA	GCCATTTAAC	300
45	AATTGGTTAT	GGAAC TGCAA	ATCATCCATT	TAACAGTTCG	ACTATTGGAC	ATAAAAAGAA	360
	ACTTGATGAA	GATGATGACA	TTGATCCACT	TCATATGCGT	CACTTTAGTA	ATAATTTTCGG	420
	TAATGTTATT	AAAAACGCTA	TTGGTGTGGT	GGGTATCTCT	GGTTTACTAG	CTAGTTTCTG	480
50	GTTCTTCATT	GCCAAACGTC	GTCGTAAAGA	AGATGAAGAG	GAAGAATTAG	AAATAAGAGA	540
	TAATAATAAA	GATTCAATAA	AAGAGACTTT	AGACGATACA	AAACATTTAC	CACTTTTTATT	600

EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGT GATTCGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAAT TCGTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCCTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaEACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGtGCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAaAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TCGTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAaA TACAaMTGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCATAGCT ACAATAAAG CTGTATCAAT TATTGrGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TCMGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACA CATCAAAGAT TCGGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400
55		

EP 0 786 519 A2

CAAACTGCTC TTTTGCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA 2520
 TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT 2580
 5 TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT 2640
 TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT 2700
 CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA 2760
 10 GAAACCGCTC AATAAATAA 2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1999 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAATATAA TCAAAATTCAT TTTTCATCAAA TTGCTTAAAA 60
 25 TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA 120
 TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCAATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT 180
 TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG 240
 30 TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT 300
 ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT 360
 TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGTA 420
 35 GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA 480
 TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT 540
 40 ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA 600
 ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA 660
 TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA 720
 45 TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT 780
 GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG 840
 GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT 900
 50 TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAAG CTTCCGGTGTA 960
 TAATTCCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA 1020

55

EP 0 786 519 A2

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTC A GTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
 AChGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380
 10 AATTTTGTTA TCAGAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440
 CACCCTTCAA TTTAAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
 15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCG 1860
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATT A GTTTTCGCGC 1920
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
 TTTCCAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1933 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTAA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

55

EP 0 786 519 A2

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840
 TCTATCTGTA ATATTCGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900
 15 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960
 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020
 TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGCGG AAATACTTAC GTAATTCTTT 1080
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200
 GCCGCCTTTT CTAAATCTTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG 1260
 25 TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500
 TAATACAAAA TTAATATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCTTCAA CGAATAACTG 1560
 AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620
 35 CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680
 TTCAA~~A~~AAGCT TCTGTAAGAT CATTAATGT TGCAATTTCA AATTCTTGAC CTTTAAACAA 1740
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT 1860
 ATTAACCTCT ACTGGGAAC TACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT 1920
 45 GTAATCGATC ATT 1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2049 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGThCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
10	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAAC TTAT	240
	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAAACT TTAaCATTTA TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
30	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAAACTT TTGGGATATC	960
	TAAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAAACT ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
50	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
55	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

EP 0 786 519 A2

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 10 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCACTTCA TTACTCCTtt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTCACCC ACATTAACAT 300
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCAATTTT TGTCACTTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCACTTCAT 660
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAArac TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTC 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1268 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCCTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTGGA CATTGATTCT GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
30	AAACAACCTG TTCCTGTCGA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC T TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTGATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAAT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACAATT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTTGC GGTGTTAGAG CGATTTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 629 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:	
5	TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAnATTGTGTC ATGATATCAT	60
	CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTCAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG	120
	CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA	180
10	AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT	240
	TCAAAGGATA GTGTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG	300
	CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC	360
15	ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT	420
	TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAACTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC	480
	GATTTGTACC TGTAAGATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CTTTTTAAAT	540
20	ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TcTaTATAcC TCCACTAtGT CTAAAGakGT	600
	TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA	629

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:	
35	TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC	60
	AGAAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA	120
40	TAACCTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA	180
	AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT	240
	GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTTAAT	300
45	CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGA CTACAAT	360
	TAAGTCTTTA GkAAATGaC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA	420
	TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT	480
50	AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT	540
	TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA	600

EP 0 786 519 A2

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTA	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTAAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTTGTT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GAtACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
30	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAAT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTGT TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGTTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400
55		

EP 0 786 519 A2

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGa TTCgGATATA 2640
 AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700
 TAAAATTAAA CTTACTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760
 10 AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1607 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTTAAAA TGATTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTcGATT nTTATTGCA 60
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180
 CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240
 30 GCCATACCAT TCAATTtGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTtGATCCA GTTGCACTAT 360
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTcCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480
 gTGGtGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540
 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600
 40 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960
 AATTATTCTGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

55

EP 0 786 519 A2

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTAAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAACCT 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTCTTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 15 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 rTTAgatGAt AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACtTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTIATTC ACCTGTTTCAG ATCTATTTC TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACA~~T~~AACTG TGTCGTTTCG ATAAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTCAAT 420
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

55

EP 0 786 519 A2

TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA 960
 AAATGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAATTGGA ACGCCCATAT 1020
 5 TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA 1080
 CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTTTGT TT 1140
 GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG 1200
 10 TrGCTAACAC TaCGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA 1260
 TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA 1320
 15 TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA 1380
 TTGGtTGCCA AcMAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT 1440
 CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT 1500
 20 TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA 1560
 TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTTCT CCAACTAACA 1620
 TCATACCAAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC 1680
 25 TATTTTGT TT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC 1740
 ATGCGCCACC CATAATTAAG GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAATTTGA GGTATTGATG 1800
 ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAAC TG CTAGCCATGC GcCGCAAAA GCCGGAATTA 1860
 30 AGTTACCTTG AACAAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC 1920
 TAATATTTTG TGACMAAGTA TGCTCTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA 1980
 TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC 2040
 35 AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA 2100
 TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT 2160
 TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG 2220
 40 ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTCCTGTC 2280
 GTTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC 2340
 45 GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG 2400
 GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC 2460
 TTGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC 2520
 50 TATGTCATGG TGCGTTGATT CCAGAAITCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC 2580
 ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA 2640
 55

EP 0 786 519 A2

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760
cATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGA 2940
GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 748 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTAGAAAT TGTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60
25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
30 TTAATTAAAG AAAGTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTAAACATT TAACAGATGT 600
40 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660
TGTCAGTGAT CaaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4718 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTtAC ycTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
10	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTGTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAAGTGA CTGAAGGTTC TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTTCGATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
35	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTCC TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680
55		

1127

	TGatGCTCGT	ATTTTTGAAG	TAAGAAAAAA	GTGTTTTTTA	AAATTACAAC	GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT	TATATGTTGA	AAGAGTATTG	CaGATTAAAT	TaTAATAATG	ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG	GGGTTAATGT	TCATGCGAAG	ACACGCGATA	ATTTTGGCAG	CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG	AAATCTAAAA	AGTATAAAGT	GCTACACGAG	GTTGCTGGGA	AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA	TTGGAAAGTG	TGAAAGGCTC	TGGTGTTCGAT	CAAGTTGTAA	CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT	GAAAGTGTA	AAGGACATTT	AGGCGAGCGT	TCTTTATACA	GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACTC	GGTACTGCGC	ATGCaTGCAA	ATGGCGAAAT	CACACTTAGA	AGACAAGGAA	2160
	GGTACGACAA	TCGTTGTATG	TGGTGACACA	CCGCTCATCA	CAAAGGAAAC	ATTAGTAACA	2220
15	TTGATTGCGC	ATCACGAGGA	TGCTAATGCT	CAAGCAACTG	TATTATCTGC	ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG	GATACGGAAG	AATCGTTCGA	AATGCGTCAG	GTCTTTTAGA	ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG	ATGCAACGCA	AGCTGAAAAG	GATATTAATG	AAATTAGTTC	AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA	ATAAAACGTT	GTTTGAAAAA	TTAACACAAG	TGAAAAATGA	TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT	ACCTCCCTGa	TGTATTGTGC	TTAATTTTAA	ATGATGGCGG	CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA	CCAATGATGT	TGAAGAAATC	ATGGGTGTAA	ATGATCGTGT	AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA	AGGCGATGCA	ACGTCGTACG	AATCATTATC	ACATGCTAAA	TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC	CTGACAGCAC	TTATATTGGT	CCAGACGTTA	CAATTGGTAG	TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG	GCGTACGAAT	TAATGGTCGT	ACAGAAATTG	GCGAAGATGT	TGTTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG	AAATTAACAA	TAGTACGATT	GAAAATGGTG	CATGTATTCA	ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG	CTAGCGTAGG	AGCGAATACT	AAGGTCGGAC	CGTTTGCGCA	ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT	TAGGTGCAGA	TGTTAAGGTT	GGAAATTTTG	TAGAAATTAA	AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG	GTGCCAAGGT	TTCACATTTA	AGTTATATTG	GCGATGCTGT	AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA	TTGGTTGCGG	AACGATTACA	GTAACTATG	ATGGTGAAAA	TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG	GCAAAGATTC	ATTTGTAGGT	TGCAATGTTA	ATTTAGTAGC	ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG	ATGTATTGGT	GGCAGCTGGT	TCCACAATCA	CAGATGACGT	ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG	TGGCAAGAGC	AAGACAAACA	ACAAAAGAAG	GATATAGGAA	ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA	AATGGCTAGG	ATAAAAGGAT	AATCCTATGT	AATATTAATG	TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA	TTCCGATAGT	AATGGAGTTA	CATyTTATAT	ATAATAGTAA	TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG	AGGACTATAA	ATGTTAAATA	ATGAATATAA	GAATTCGTCA	TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA	AGGAAACGAA	GCATTAGCGC	AAGAAGTTGC	TGACCAAGTA	GGAATTGAAC	3480

EP 0 786 519 A2

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
TCGTTGTtCa CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGCACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
15 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
TGTATAATAG TTTCTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAC CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTATCGAA 4680
35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40 (A) LENGTH: 3181 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

EP 0 786 519 A2

TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG 300
 CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT 360
 5 GGGATTGTGA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTGTCCTAT TATTCTTAAA 420
 TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG 480
 TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG 540
 10 TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACT GCATTTATCA ACTTTGGTTA 600
 TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC 660
 15 AATTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTCACCTC CAATCGAAAT 720
 TTATAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA 780
 AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTG TGGGCAATTG CCTTTGCAAA 840
 20 TATATTTGTT TATTCGTGC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA 900
 AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG 960
 AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG 1020
 25 ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA 1080
 TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA 1140
 TGGACCAGTT ATGTTAATG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG 1200
 30 CACAgcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT 1260
 CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC 1320
 AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC 1380
 35 CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA 1440
 TTCATCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT 1500
 TGCCACITTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT 1560
 40 CTAAGGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT 1620
 TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA 1680
 45 TCAGCAAACT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT 1740
 GTCACGAAAT ATCCGATTT AGTCGGTGT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC 1800
 TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT 1860
 50 TTAACCTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC 1920
 CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTCGA AAAATACACT 1980
 55

EP 0 786 519 A2

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580
 TAAAAATAAA TTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640
 20 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTCGCAA GTTTAATATT 2700
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000
 30 TAAATTTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmtAT AGTCTTTCGC 3120
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAAATTAC CTAACCCCAT 3180
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 4029 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTGTG GATTATTTTt AGAACCACAA 180

55

EP 0 786 519 A2

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTGTTGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA CTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTCCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGAATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGCTT	1080
	CaGTtCTAAT GTCCATATCA TTGCCCTTCT AATACAATTT TACGTATTTT TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAATTTT ATTATTTTTA ATTCTTCAA CTATCATTC	1320
35	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTCAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAGTTG TGTTTGTFTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTCATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTT AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980
55		

1132

	CAAAGTGC	GCCGTGTGCT	TCGTCAATGA	GTACAGGAAT	ATTTAATTGG	TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC	TTCTACATTA	AATGTTTCAC	CGTAATAGTT	AGGATAAGTC	AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC	GTCATTATTG	AAACGGCTTA	AATTAACCTT	ATTATAATGA	TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG	CGTTTCAATA	AAATGCCCTT	CTTGTTGGCT	AATATCGAGC	GCATGTAACA	2280
	CAGATTTATG	TACATTTCTT	GCCATTAAGA	TATCGCCTTT	TTTCTGTGAA	AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA	TATTCCTGAA	GTGGTGCCAT	TCACTAAGAA	ATAAGCATCA	TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC	CTGCTTCATA	CTTTCCAAAA	TGACTTCTTC	AGGATGATGT	AAATCAnCTn	2460
	AATCCAGGTA	TTTCAGTTTT	ATCCATTGTC	ATTGATAATT	GAGATAAATG	ACCGATAGTC	2520
15	ATATTTTAT	GACCCGGAAC	ATGCAAAGAA	ATCGCTTCTT	CTTGATTTAA	ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA	TAGGTTGCTT	CATGATATAC	GCCTCCTTTA	TTTACACTGT	TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA	AAAGTATTAA	TTATATAGTA	ACACTTCTTT	GACAAAAGTT	AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC	TTGCTATTG	TATAATAATT	AATTCCTTTT	TTGTACTTCG	ATTTAAAAAG	2760
	TATTAGACAT	AAAATCTAAA	AACAGCAGTA	AGATGATTTA	TGATTAAAAA	CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT	TTTTATAATA	CTTCTGAATG	TCTTCACTTA	TACTTCTAGT	CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA	AGTGACACAT	ATTAAAATAT	CAATTTCACA	CTCAATGCGG	CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG	TCTAGCAACG	TTCTACTCTA	GCGGAACGTA	AGTTAGCTAC	CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT	CTTGACTTGT	GACAATCGCT	TGCTTCTTTC	CTCTCCTTCG	GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG	CTCTACTAAA	CTCGTTGCGC	TCTTTTCTCG	TTTGCTCAGA	TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC	CAAGCCATTT	TTCTTTGTGT	TTACTTTTTA	TTTTGACGTT	TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC	CTCACGGTCT	CAACTTGCCT	GGCAACGTTT	TACTCTAGCG	GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT	CGTCGCTAAA	GACCTTTCTT	GACTTGTGAC	AATCGCTTGC	TTCTTTCTCT	3300
40	TCCTTCGGCT	CTCGCTTACT	CATTTAGCTC	TACTAAATCT	GTTGCGCTCT	TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTG	AAACGTTTTT	ACTTCGCCAA	GCCATTTTTT	TTTGTTTATA	CTTTTTATTG	3420
	TGACGTTTTA	GrCATAAAAA	AAAGAGACcT	TGCGGTCTCA	ATGCGGCTCA	TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCCCTG	GCAACGTTCT	ACTCTAGCGG	AACGTAAGTT	GGCTACCATC	GwCGCTAAgA	3540
	acCTTTCTTG	ACTTGTGACA	ATCGCTTGCT	TCTTTCCTCT	yCTTCGGCTC	TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT	ACTAAACTCG	TTGCGCTCTT	TTCTCGTTTC	GTCAGATTCA	AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG	CCATTTTTCT	TTGTGTTTGC	TTTTTATTTT	GACGTTTTAG	ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT	GCGGTCTCAA	TGCGGCTCAT	CGCATCCATT	TTTTGCCTGG	CAACGTTCTA	3780

EP 0 786 519 A2

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCCG CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGAGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTCGCGGT AAAAAAATCA CTGTATTAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT ACACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCAGCTGTA 600
 TTGFTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACGG CGTTGTAA TCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

1134

	AGACGTTTATA	CTAAATGTGC	AcTGTATAAG	AGCCCCTAAT	CACATAAATA	TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC	AGTTGCAGCG	TTTAAAGAAT	AAACTGTACC	ACAATTGGTG	CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT	AAAGCAAAGA	TTTATAAAAG	TAAGTGCATA	AGAGCCCCTA	ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG	GGCTCTAATA	TGCTATAATT	ATTGGGAAAA	TGAAAATTAT	ATGTAAAAGA	1440
	GGTGAGATAT	ATGTTTGTGC	ATCAAGTCAA	AATATCTCTT	AAAGCCGGTG	ATGGTGGTAA	1500
10	TGGTATTACC	GCATACAGAA	GAGAAAAATA	TGTACCATTT	GGTGGACCAG	CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA	GGTGCTTCAG	TCGTATTTGA	AGTGGATGAA	GGTTTAAGAA	CGTTATTAGA	1620
	TTTTAGATAT	CAACGTCATT	TTAAAGCAAG	CAAAGGTGAA	AATGGCCAAA	GTAGTAATAT	1680
15	GCATGGTAAA	AATGCGGAAG	ATTTAGTATT	AAAAGTTCCA	CCTGGTACAA	TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA	GACGAAGTGT	TAGCAGATCT	TGTTGAAGAT	GGTCAAAGAG	CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT	CGAGGTGGCC	GAGGTAATTC	ACGTTTGTCA	ACACCTAGAA	ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT	GAAAAAGGTG	AACCAGGTGA	GGAATTAGAT	GTATCTTTAG	AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT	GTAGGATTAG	TAGGTTTCCC	TAGTGTGGGT	AAATCGACTT	TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA	GCTAAGCCTA	AAATTGGGGC	ATATCATTTT	ACAACGATTA	AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT	TCAACGCCTG	ATCAACGTAG	TTTTGTTATG	GCAGATTTAC	CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA	TCTGATGGCG	TTGGATTAGG	ACATCAATTT	TTAAGACATG	TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT	GTTACATGA	TTGATATGAG	CGGTTCTGAA	GGTAGAGAAC	CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC	ATTAATCAAG	AATTAGCTGC	GTACGAGCAA	CGTTTAGAAG	ATAGACCTCA	2280
	AATCGTAGTA	GCTAACAAGA	TGGATTTACC	TGAATCACAA	GATAATTTAA	ACTTGTTTAA	2340
35	AGAAGAAATT	GGCGAAGATG	TGCCAGTTAT	TCCAGTTTCA	ACAATAACGC	GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA	TTATATGCAA	TAGCAGATAA	ATTAGAAGAA	TATAAAGATG	TTGACTTCAC	2460
	AGTTGAAGAA	GAGGAGTCAG	TTGGCATTAA	CCGAGTATTA	TATAAACATA	CACCGTCACA	2520
40	AGATAAATTT	ACAATTTCAA	GAGATGATGA	TGGTGCTTAT	GTGGTAAGTG	GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG	TTTAAAAATG	CTGACTTTAA	CAGTGATCCA	GCAGTACGTC	GATTTGCTCG	2640
45	TCAATGCGT	TCGATGGGTA	TTGATGATGC	GCTTAGAGAA	CGTGGTTGTA	AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA	ATTCTTGGCG	GAGAATTTGA	ATTCTGTTGAA	TAGGAGCGAA	ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT	TATAAAAAGT	TTTATTTAAT	TAGAGAAGAT	GTCTTGCCCTG	AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG	AAGATTAAAG	ATGCCTTAAA	AAGTGATCCG	ACATTGTCCA	TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG	TTTGATCTAT	CTAGAAGTGC	TTTTTATAAA	TATAGAGAAA	CGATATTTCC	2940

EP 0 786 519 A2

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTAAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
15	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTCG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTTAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGA [~] CTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTTAGAT	4260
	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
40	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740
55		

EP 0 786 519 A2

GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA 4860

TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC 4920

5 TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA 4980

ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA 5040

10 CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT 5100

TGAAATGTTA ATGTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC 5160

TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG 5220

15 CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA 5280

AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA 5340

TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCCAGCG CAGCACCAAC 5400

20 AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT 5460

CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT 5520

GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT 5580

25 AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACTTC AACACGTACA 5640

CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA 5700

TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA 5760

30 CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCTGAAT 5820

GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA 5880

ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA 5940

35 AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGAC ACACCACACG GTTCATTTGA 6000

AACCTCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA 6060

40 GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC 6120

CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGTGCC 6180

GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC 6240

45 AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA 6300

GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG 6360

TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG 6420

50 GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT 6480

ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA 6540

55

	AATGGTTGAA	CATACAGAGC	AGTTTATGCC	TAAAGATAAA	CCAAGATATT	TAATGGGTGT	6660
	AGGATCTCCA	GATGCGTTAA	TCGAATGTAG	TATTCGCGGC	ATGGATATGT	TTGATTGTGT	6720
5	CTTACCGACA	CGTATTGCCA	GAAATGGTAC	TTGTATGACA	TCGCAAGGTC	GTTTAGTTAT	6780
	TAAAAATGCA	AAATTTGCAG	ATGATTTAAG	ACCGTTAGAT	GAGAATTGTG	ACTGTTATAC	6840
	ATGTCAAAAC	TATTCAAGAG	CGTATATACG	TCATTTAATC	AAGGCAGAGG	AAACTTTTGG	6900
10	TATTCGTCTT	ACTACTATTC	ATAATTTACA	TTTTCTGCTA	AAATTAATGG	AAGATATAAG	6960
	ACAAGCCATT	CGAGAAGATC	GTCTTTTAGA	TTTCAAAGAA	GAATTCCTCG	AGCAATATGG	7020
	ATTAAATGTT	GAGAACCCAA	AAAACTTTTA	AGCAAGAGGA	GCGTATAAAA	TGCAATTTTC	7080
15	ATTACTAATA	TATATAGTCG	TAATTTTTGC	GGTTATGTAT	TTCTTGATGA	TCAGACCACA	7140
	ACAAAAACTG	TGCGAAACA					7159

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	TCCATTTATA	GAAATTTCCTA	AAGCAGAnAA	TAAGATAGAA	GATATCGGCC	AAGGTGCAGA	60
	AATCATCAAA	AGAACACAAG	ACATTACTAG	CAAACGATTA	GCTATAACTC	AAAACATTCA	120
35	ATTTGATTTT	GTAAAAGATA	AAAAATATAA	CAAAGATGCC	CTAGTTGTTA	AGATGCAAGG	180
	CTTCATTAGC	TCTAGAAaCAA	CATATTCAGA	CTTAAAAAAA	TATCCATATA	TTAAAAGAAT	240
	GATATGGCCA	TTTCAATATA	ATATCAGTTT	GArAACGAAA	GACTCTAATG	TTGATTTTAAT	300
40	TAATTATCTT	CCTAAAAATA	rAATTGATTG	AGCAGATGTT	AGTCAGAAAT	TAGGCTATAA	360
	TATCGGCGGA	AACTTCCAAT	CAGCGCCATC	AATCGGAGGC	AGTGGCTCAT	TCAACTACTC	420
	TAAAACAATT	AGTTATAATC	AAAAAACTA	TGTTACTGAA	GTAGAAAGTC	AGAACTCTAA	480
45	AGGTGTTAAA	TGGGGAGTGA	AAGCAAATTC	ATTCGTTACA	CCGAATGGTC	AAGTATCTGC	540
	ATATGATCAA	TACTTATTTG	CACAAGACCC	AACTGGTCCA	GCAGCACGAG	ACTATTTTCGT	600
50	CCCAGATAAT	CAACTACCTC	CTTTAATTCA	AAGTGGCTTT	AATCCATCAT	TTATTACAAC	660
	ATTGTCACAC	GAAAGAGGTA	AAGGTGATAA	AAGCGAGTTT	GAAATcACTT	ACGGCAGAAA	720
	CATGGATGCT	ACATATGCTT	ACGTGACAAG	ACATCGTTTA	GCCGTTGATA	GAAAACATGA	780

1138

	AAAAATATAA	AGCATCACAC	CTAAGTAAAC	AGTTCaATCA	TCTTAAAAAA	TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT	GTCTCAGGAT	TTTTTmACAA	ATTGAATCAG	CCTCATAACA	TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA	TTAAATTTAA	TAATAACAAC	TGATTTTAT	AAGAAATAAG	TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC	ACAAATAATA	CAATGAAAC	AATTTAACTT	GAAAGCTTAa	ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT	AAACAATTAA	TTTTTAGATG	GATTCATCAA	AAATCGTAAA	AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA	CAAACATTAA	TTAAAAAGA	AAGCAAGACA	TTCGTGCAAT	CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA	CAACTGTCAA	CAATACCAAG	GTTTTATTAA	CTATATTTCT	CACAAAATTA	1260
	GCTTTTAGCA	TTCCAAACAA	AAAAGGTTAA	ATCGAACGGA	ATTATGGCAT	TTTTAACTTA	1320
15	ATTGTAAAAA	AAGTTGATAA	TGGTCAATTG	TTAATGAACA	GTTAATTATA	ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA	TTATTTAATT	AAGTTAAATA	AAATTATAGA	AAGAAAGTGA	AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA	ATATTAAC TA	CAACTTTATC	TGTGAGCTTA	CTTGCCCCCTC	TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA	AATGctAAAAG	CTGCTAACGA	TACTGAAGAC	ATCGGTAAAG	GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC	AAAAGGACAG	AAGATAAAAC	AAGTAATAAA	TGGGGCGTGA	CTCAAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT	TTTGTAAGG	ATAAAAATA	TAACAAAGAT	GCTTTGATAT	TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCA TT	AGCTCTAGAA	CAACATATTA	CAACTATAAA	AAAAC TAATC	ATGT TAAAGC	1740
	TATGCGATGG	CCATTCCAAT	aTaATATTGG	TTTAAAAACA	AATGATAAAT	ATGTTTCTTT	1800
30	AATTAATTAT	TTACCTAAAA	ATAAAAATTGA	ATCTACAAAC	GTGAGTCAGA	CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT	GGTAATTTCC	AATCAGCCCC	ATCACTCGGT	GGTAATGGAT	CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG	ATTAGCTATA	CACAACAAAA	TTATGTAAGT	GAAGTAGAAC	AACAAAAC TC	1980
	AAAAAGTGTT	TTATGGGGCG	TCAAAGCGAA	TTCATTGCGC	ACTGAATCAG	GTCAAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT	AGCGATTTAT	TTGTAGGCTA	CAAACCTCAT	AGTAAAGATC	CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA	GACAGTGAGT	TACCACCTCT	TGTACAAAGT	GGATTTAACC	CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA	TCTCATGAAA	AAGGTTCAAG	CGATACAAGC	GAATTTGAAA	TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG	GATGTCACTC	ATGCCATTAA	AAGATCAACG	CATTATGGCA	ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT	AGAGTCCATA	ATGCATTTGT	AAATGAGAAC	TATACTGTGA	AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG	ACTCATGAAA	TCAAGGTGAA	AGGACAGAAT	TGATATGAAA	ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC	ATCCGTTGCT	ACATCTATGG	CATTATTATT	ACTTTCTGGT	ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA	AATAACACCA	GTCAGCGTAA	AAAAAGTCGA	TGACAAAGTT	ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC	CACAGCAGAT	TCTGATAAAT	TTAAAATTTT	CACAGATTTTA	ACATTTAATT	2580

EP 0 786 519 A2

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTtTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTCTG 2880
 AAACAATTAA TTATAAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120
 ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

30 GCAAAAACCTT TTCTCCAAC TATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60
 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT 120
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTGTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAGCT TTTAGCAAA AGTTCAACAT 240
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAT ATTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360
 40 CTGCATGCGG AAACAATTCG TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACCTAAAT 540
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720
 ATGATGTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840

55

1140

	AAAAACCTAA	TGcTAAGATC	AAAGCAATCA	AAGGTAATGC	TGAACAAAGT	AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC	TAAAAAAGCA	GATGATGAAA	CAGTTCAAAA	ATTCAATGAT	GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA	AAACGGTGAA	TTAGCTAAAA	TAGGTAAGAA	ATGGTTTGGT	CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA	ATAGCGAACA	ACAACATGCG	CTAGATGCTG	CAAAACAAGC	TTTCGGACCT	1140
	ATGCTAGAAG	GTTTGGTCAA	ATATTCAATT	CCTATTACAT	TAGTTACATT	TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG	CATTATTTAC	AGCATTAAATG	CGAATTTCAA	CGAGTAAAAT	TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG	TCTATGTATC	TATTATTCTGA	GGAACACCAA	TGATAGTACA	ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG	GTATTCCAGA	ATTAGGTAGA	TTATTAACAA	ATGACGCTGA	CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC	CTGTAGTGGC	TGCTATTATT	GGTTTATCAT	TAAATGTAGG	TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA	TTCGTGGCGG	TATTATTTCT	ATACCGAAAG	GACAAACAGA	AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA	TGACGTATGG	TCAAACGATA	CAACGTATCA	TTTTACCGCA	GGCAATTCTGA	1560
	GTGTGCATTG	CTGCACTAGG	TAATACATTT	TTAAGTTTAA	TCAAAGATAC	ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT	TAGTGGCTGA	AATGTTTAGA	AAAGCTCAAG	AAGTTGCGTC	TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA	CAATTTATGT	GTTAGTTGCG	CTAATGTACT	GGGTGGTATG	CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC	AAGGTATCTA	TGAATCTTAT	ATTGAAAGAG	GGTATCGCTC	ATGATTCAAT	1800
	TGAACAATAT	CCATAAATCA	TTTAATGATG	TTGAAGTCAT	CAAAGGTATT	GATTTATCTG	1860
30	TTGAACAAGG	TGAGGTTGTA	ACCTTAATCG	GTCGATCTGG	TTCAGGTAAA	ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT	TAATGCATTA	GAAATTCCAA	CTGAAGGTAC	AGTTTATGTT	AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC	TAAAGATAAA	AAATCACAAA	TAGAAGTTCG	TAAACAGTCT	GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA	TAACCTTTTT	CCGCATAAGA	CGGCATTAGA	AAATGTAATG	GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA	AAAGTTGAAA	AAGGATGAGG	CACGTGGGAA	ATCACTTGAG	TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT	AACACATGTC	AAAGATCAAC	GTCCACATGC	ATTATCAGGT	GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC	TATTGTCAAG	AGCACTAGCA	ATGAACCTTA	AAGTGATGTT	GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG	CACTTGATCC	TGAACTTGTG	AATGATGTTT	TAAAGGTTAT	TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG	GCATGACAAT	GGTCATTGTG	ACACATGAAA	TGCGTTTTGC	TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA	TTGTATTTAT	TcmTGAAGGC	ATGATCGGAG	AACAAGGGGC	TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC	GTCCGAAAAC	AGAAGAATTA	AGACGTTTCT	TAAATGTTAT	AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA	GAACCACGTA	TCATGTTTTA	GTATGGCGAT	GAAGCCATAT	ACATGATGCG	2580
	TGGTTCCTTG	TTATGTTGTC	ATAATCTTGG	AGCGATATTT	TAACGACGTT	TATGATTTAA	2640

EP 0 786 519 A2

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760
 TGAAAAGTCA CCGTAATAC CATAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820
 5 CTTAATCATT TCCCactGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940
 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTGTTC TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000
 10 ATTTAGCTGT TGTTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTTGCT TTAATTGTAA 3120
 15 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCAATCGTA 3180
 TAACTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300
 20 GACACCAAta TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC 3480
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600
 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660
 30 ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTTGACG AACTGTAAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CCGTGTGTGT 60
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAATTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120
 ATTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

EP 0 786 519 A2

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360
TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420
5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480
TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA 540
CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600
10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660
TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720
TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780
15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGGGTTTTA 840
TATTGCGTyT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900
20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AACTATAAC CAGCATTGTG AACATTAGTG 960
TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020
GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080
25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140
ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCACTA 1200
GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260
30 TCAGCTGCTT GAACCTGATG TGCAGTGAAT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320
GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAAT 1380
TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGTnTTATA TACCTGTGCG TA 1422
35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 6076 base pairs
40 (B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60
AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120
50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAAAGT AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180
GCTTTAGTAA AGGTTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTAAAG AGCTTTAAAT 240
55

EP 0 786 519 A2

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACACT	720
15	CAAAATTAATA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACCTCA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCAT AACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTCGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTTG ATTGTTTGTG CTGTTTGTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGtAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTCCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

EP 0 786 519 A2

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
10	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
30	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTCTGA	3180
35	TAACTTTTTT AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACCTAATG	3240
	GTAACCTTTT AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTTTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATtT TCTTGCGTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACCTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
50	TAACTGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTCTG	3720
	GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
55	CAAATTTACT TTCCACATT AAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

EP 0 786 519 A2

GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA 3960
 CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA 4020
 5 ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC 4080
 ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT 4140
 10 GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT 4200
 ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT 4260
 GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AAcACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA 4320
 15 CCTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG 4380
 ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC 4440
 ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA 4500
 20 TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT 4560
 CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA 4620
 ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT 4680
 25 TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA 4740
 ACACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG 4800
 ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT 4860
 30 TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT 4920
 CCTGTTCCTG TTACTIONTATT GGCTTGTAAT AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT 4980
 ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGGT GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT 5040
 35 GGAACATAAG TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT 5100
 TTCATTATTC TTCTCCACCC AATGTCACCT TGTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA 5160
 40 GAGAAGAAAC TGTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTCTTTT 5220
 CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTCGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC 5280
 CTAATGAAGC ATCACCATTT GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG 5340
 45 ATAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG 5400
 ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTCGCA AATAAACATG 5460
 GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA 5520
 50 AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA 5580
 TTAACCTTGC ATCAATTTGA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAATC TTCTCATCAA 5640
 55

EP 0 786 519 A2

	ATTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA	5760
	ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACga ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA	5820
5	TGTAAAAGAA GTTTCATCAA ATAAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA	5880
	CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTAC TCATAGTCAT	5940
	GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT	6000
10	ATGTAAATTA TTAAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA	6060
	ATCTTTTAAT AGTTTT	6076

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6136 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEO ID NO: 307:

25	ACCGCCGATT	GATAGCTTTA	CTGCTGCGAT	AAAAGTGCCT	TCAACAATTG	GTGCATCAAC	60
	TTTTAACACA	CGATGATTAC	CATCATACAT	TTCAATTGCC	ATATCTACAT	TCATTTCTGA	120
	AGATCCAATA	TCGTAAAAAC	ACAATGCATC	ATCCTCTAAT	TTAGTCAAAA	CTTCTTGGAT	180
30	GATATCAAAT	GAAGTTCCAA	TTGAACCATC	TGGTAATCCC	CCGATTGGTA	TAATATCAAC	240
	GTCACCTGCC	ATTTGCTTTA	ACAAAGATTT	TGTACCACTT	GcAATTTCTT	TACTGTGGCT	300
	AACAAGTATA	ATTTTAGGCA	TTATCTTCAT	CTCCAATCAA	AGCGTTTAAA	ATATAAACCA	360
35	TACTTTGAGC	ACCTGGATCA	ATATAACCTT	TTGATTCTTC	TCCAAAATAT	GCAGCTCTAC	420
	CTTTCTGTTG	TACCATATCT	TTTGTATTAT	CTGCTAATTG	CTGTAAATCA	TTGAATGTTA	480
40	AAGTTTCACC	ATTTTTAAGC	TTCTCTGCTG	CTCGCGCTAC	TACATCATAC	ATTGTCTTTT	540
	CATTTAAAGT	AACTTTACCA	CGTGATTCAA	CCGCTTCGGC	AAATGCCTGA	ATTAGTGTAA	600
	TGAAATCTTG	ATTATCCATA	TCATCTTTGG	TGACTGCAGA	CATTTTAAAC	AAGCTAAAGC	660
45	CATACAGTGG	TCCTGATGCA	CCCCCAACAT	TTGACATCAA	TGCCATACCA	GTTGATTTGA	720
	ACAATGATTG	CATTGAGCTA	TCATCAAGTT	TGTCTTTAAG	ACTACTAAAC	CCACGAACCA	780
	TGTTAACCCC	GTGGTCACCA	TCACCAATTG	CTCGATCTAA	TTCAGTTAAT	TCAGATTCAT	840
50	GTTTTTTAAA	CGTTTCTTCT	AAATTTAATA	AACGTGCTTT	CATATCATTC	ACTTTTCATT	900
	GTGCCACCTC	ATAAATGTAT	ATTTATTTCAT	ATTCACCTTCT	TATTTAAAGT	ATTGACTTGT	960

EP 0 786 519 A2

	ACCTTGCATG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTGAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTGCTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACATA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTATT GATTAACCTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
30	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAA	1980
	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC AATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCCT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTTAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTG GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTA AACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
55	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGaAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

EP 0 786 519 A2

CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACtGC GTTAATACCT AATATACCTG 2880
 GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAgCtGCG 2940
 5 CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA 3000
 ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGATTCA 3060
 10 CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT 3120
 ATCAATTGTC TCGGTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA 3180
 AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA 3240
 15 AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG 3300
 GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC 3360
 CTACAAATGC AACTTGTCCTA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA 3420
 20 TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC 3480
 CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA 3540
 TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC 3600
 25 AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA 3660
 ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC 3720
 TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA 3780
 30 ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAACCTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG 3840
 AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT 3900
 35 GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG 3960
 GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG 4020
 CCTTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG 4080
 40 TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGCGTTGGGT 4140
 TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA 4200
 AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT 4260
 45 TAAACAACA TCAATATTAA AAACTTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT 4320
 TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT 4380
 CGCTTGGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTCCCT GATTTAGCTT 4440
 50 CTGAACATA TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC 4500
 TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG 4560
 55

EP 0 786 519 A2

	TGCCCAATCA	ATtCTTTCT	TAtCCTCAGC	AgTTAATCTA	CCAAATCCTT	TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA	TATGAAACTA	ATTCCCCAAC	AGTTAAGCCA	TCTGCTACTT	CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAaTG	GcTATTTTTt	TGcAATCyCy	TTCTGAGAt	GTGtATGAAT	ATTTTCACcA	4800
	TCTAAAAATA	CTTCGCCTTC	TTTAACTGCC	AATAAACGTG	ACAATGCCTT	TAGCAAAGTA	4860
	GATTTCCCGC	AGCCGTTAGG	ACCAATGATT	GACGTCACTT	TGCCATCTGG	TATTTCAACA	4920
10	TCTAATTAT	TTATAATCGT	GTTATCCCCG	TAACCAATTT	TAACTTGTTG	TCCATGCAAA	4980
	CGATTCTATA	TTTCCTACT	TTCAATAAAA	TTCTTTCTGT	TTATAAAAAA	TAATTTCTAT	5040
	TTTTAAATTA	TCAATTTTCA	AAGACATCCC	AATTGATAAT	GATTATCATG	AACATCATTa	5100
15	TAACATTTTT	CAATCTTATT	GACTAACATT	ACTTTTTTAA	TTGGATAGCT	CGATTTGTCA	5160
	TGTCTTGAT	ATTACTTTTA	TAAAATAAAA	AACGCCCACA	GATAAGTCTT	CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGTC	GTGGACTTCT	ATTTAAGTAT	GTGTGCTCAT	ACCATTTATT	TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC	ATTACCATAG	ACATCTCTTA	CATCATGAAT	TACGAGGAAT	GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTT	AATTAATCGC	TTTGCTTTTG	AAACTTGTTG	TTTAGAAATA	ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT	TTCTTCACGC	GTATAATAGC	CATGTCCGTT	TAAATGGTT	AAACCTCTTC	5460
	CAATTTGCTC	GTCTATTGCT	TTGGCAAGTT	TGTGGGATT	AGTTGAAATA	ATCGTCATAG	5520
	CTTTTTTAGT	GTTTAAACCT	TCTATGACAT	ATTCCATCAC	TTTTGTTCTT	ATATAAAGTG	5580
30	ATATTACTGT	TACTAATACT	TTATCAAGTG	GAATAACTGT	AAGTGAAATT	GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA	GAAAAGCAAA	GCATATGGCG	TGCTTACATC	GAGGTATTTT	GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT	TGTTGTACCT	GCTGTTGTAC	CGCTGCAAG	GATAATTACT	CCGATTCTTA	5760
	GTCCAACGCT	TACACCACCA	AAAATGGCAT	TCACAATGCT	GTTTCCAGTT	TCTACTTGCC	5820
	ATGATTCTGT	TAAACTCAA	AATATTGAAA	TAAGAATTGT	TACAAGAATA	GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT	ACTCAAAAA	TTATAAcCTA	TGGCAATCAA	TACTGCGTTG	ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC	TGGTGAAATA	TGAAACGCAT	AATATAAAAT	AATTGCTAAA	CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC	TAAGTTACCA	GAAATAATAA	ATGCATTTAC	ACCTGCAGCA	AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC	AACTAGTATT	AAATCTTTAA	CCGTTTTTAT	CACGAAACCA	TCCCCTTTAT	6120
	ATATTIATTA	GACTAT					6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2576 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTC	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATGTGT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGCGTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTAaAAAG	TACATATAAA	TTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcAACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTTAA	AGTTTTTAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACTTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620
55							

EP 0 786 519 A2

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAAC TA GATAATAGTG 1860
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040
 CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCAAGTAA 2280
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400
 CAATTAACAT TCGGTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460
 25 TAGGTTTATT TGTCTTGGG CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520
 AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTGAAACG 60
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTCTT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT 300
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTA CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAAC TTTCATAATC 420
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

EP 0 786 519 A2

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTGTGCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 10 (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540
 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 35 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

55

1153

	AAAAGCCTAT	TCTATTAAAA	CGTGGTTTAT	CTGCTACAAT	CGAAGAGTTT	GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT	TGCTTCACAA	GGTAATCAAA	ACATTATTTT	ATGTGAACGT	GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA	GGCGACACGT	AACACTTTAG	ATATTTTCAGC	AGTACCAATT	TTAAAAACAAG	1440
	GTACACACTT	ACCAGTCATG	GTAGATGTTA	CGCATAGTAC	AGGTCGTAAA	GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC	GAATsAgCAT	TAGCAGTTGG	TGCTGATGGA	GTTATGGCTG	AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT	GTTGCACTTA	GTGATGCGGG	TCAACAAATG	GATTTAGATG	AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT	GAATTAAAGC	CTTTAGCTGA	TTTATATAAC	GCTAAAAAGT	TAAAAATAATA	1680
	TTCCAAGGAA	ACTATAGACT	ACTTAACTAA	TATGTCATGT	TGAAGTAGAA	TATTATCTTT	1740
15	GAATCGACAA	TTTTAAACTT	ACAGCCATTC	TAAGAGTATA	TTACTTTTAG	AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA	TAGAAATAAA	GGTATACTGC	ACTTAACGAT	TGTTATAATA	CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT	CACAATTATT	AAAGATTATG	ACTGATAGCA	GTAATTAAAA	TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG	TAAAATATAA	TAGATTCACA	CATTTGTTGC	TGAAATGTGA	ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA	TTGATATTTG	AAAAGGCTTT	CTCAAACAT	TACAATTAAA	AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA	AATTAAAAATA	TATCGTTCGT	TATCATTTAG	CGTTTGTTTT	TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA	ATTTTCCAA	ACAAAAATAT	GTTACTGTAA	ATTAAAAATAT	GGTAAACTAT	2160
	GAAAATGAAA	TGAAAACATG	TTATTATAAT	GAATAAAACG	TTTACAAGGA	GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA	TATATGATGT	AGCAAGAGAA	GCGCGTGTCT	CTATGCCAC	AGTGTCGCGT	2280
	GTTGTTAATG	GGAAACCAAAA	TGTTAAAGCA	GAACTAAAA	ATAAAGTTAA	CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA	ATTATCGTCC	AAATGCTGTT	GCTAGAGGTT	TAGCTAGTAA	AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG	TGATCATTC	AGATATATCT	AATATCTATT	ATTCACAACT	TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA	TTGCAACAAT	GTATAAATAT	CACTCAATTA	TTTCAAATTC	AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG	AAAAAGAAAT	TTTTAATAAC	TTATTAAGTA	AACAGGTTGA	TGGTATTATT	2580
	TTCTTTGGTG	GTACAATTAC	TGAAGAAATG	AAAGAATTGA	TAAATCAATC	ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT	CAGGAACAAA	TGTAAGGAT	GCACATATAG	CATCAGTTAA	TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG	CGAAAGAAAT	TACGGGAGAA	TTAATTGAAA	AAGGCGCTAA	ATCATTTGCT	2760
	TTAGTAGGTG	GAGAACATTC	TAAAAAGCT	CAAGAAGATG	TTTTAGAAGG	TTTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA	AAAATGGCCT	TCAATTAGGT	GATACATTGA	ATTGTTCTGG	TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG	GCGTAAAAGC	TTTGTCCAAA	ATGAAAGGCA	ATTTGCCAGA	TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG	ACGAAGAAGC	AATTGGTATT	ATGCATAGTG	CAATGGATGC	TGGTATTAAA	3000

EP 0 786 519 A2

CCACAACCTTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA 3120
 TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAGAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA 3180
 5 ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTCATC TAACGACCCA 3240
 AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG 3300
 10 TTAATTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTATT 3360
 TTTCACTAAT TTCTTTTG TG CGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC 3420
 TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT 3480
 15 AACCACCTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA 3540
 CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG 3600
 AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTTCATATA TGAATGTAAC GTACAATTTA 3660
 20 GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG 3720
 GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA AACTCCAAA AATGATGCAT 3780
 CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC 3840
 25 GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTTCATGG ATAGAATAAG 3900
 TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG 3960
 TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA 4020
 30 TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC 4080
 CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC 4140
 35 CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTC TCTTCATCAT 4200
 TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG 4260
 CTTGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT 4320
 40 GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA 4380
 AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT 4440
 AACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT 4500
 45 AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TGTTGCTGT TCTAATGTAA 4560
 TGTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTATT TCTGGATCAT 4620
 CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT 4680
 50 CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA 4740
 CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT 4800
 55

EP 0 786 519 A2

TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA 4920
 GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG 4980
 5 CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT 5040
 TCAAATCTTC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT 5100
 CTTCCGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT 5160
 10 TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT 5220
 AAAAAATTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTTCACAT 5280
 15 AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA 5340
 CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAGCATT 5400
 TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA 5460
 20 TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA 5520
 TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC 5580
 AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT 5640
 25 TCGTGTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTTAT 5700
 GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTAA TTAATAATAA 5760
 GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT 5820
 30 AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA 5880
 TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG 5940
 TTCTACTGGG CAACCTAAAG GGTATTGCA TGTTCACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT 6000
 35 TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC 6060
 AGGTGCGGTT ACAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA 6120
 40 TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA 6180
 AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA 6240
 TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCAATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT 6300
 45 AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG 6360
 GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTCAAGCT 6420
 TGGCTCAATG GGCAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA 6480
 50 TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT 6540
 GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT 6600
 55

EP 0 786 519 A2

TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATTT GAGGTTGAGT CTAAATTGGT 6720
 TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA 6780
 5 AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAGA 6840
 AGAAATTCGT ATATTTGTTA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACCAC GTGAAATCGA 6900
 10 ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTAAAAGC 6960
 TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTTA 7020
 TTGAAGATTT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA 7080
 15 TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTTAACT TGTGTCATAT CATTTCGTAG 7140
 AAAGCATTTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTT 7200
 TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA 7260
 20 TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAAATGAA 7320
 AGCGCTAACC CGATTTAGTC GACAAGTTTT TAACAGTTTCG TTATTATATG AATGTAAGTA 7380
 AAAATTTCTT AGCTACAAC TACATATTAT AAATGCATAA ATTAACAAA AAGGGGCGAA 7440
 25 AAAAGTTGAC TCATTATCA GATTTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA 7500
 AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCA AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCATTACA 7560
 AAGCTAAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTTAG 7620
 30 TAACTGCGAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGGTTTAG 7680
 CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTTAG 7740
 GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGC GAAGGAGAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTTAG 7800
 35 TGGAAGATAT CAACTTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAACT GCAAATAATG 7860
 CATGCTCTGC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA 7920
 40 GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACTTAGA CATGTAAACG 7980
 TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG 8040
 CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA 8100
 45 TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACTAGTAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA 8160
 AAGTGGAAGG TGCACTTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT 8220
 CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TGCGAATATC GCACACGGTT 8280
 50 GTAACCTCAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG 8340
 CTGGATTTGG TTCAGACTTA GGCGCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG 8400
 55

EP 0 786 519 A2

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTTGACT	8700
	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
10	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GGCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGACTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTACAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAATC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACTATAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTCGTA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200
55		

EP 0 786 519 A2

AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG 10320
 CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG 10380
 5 AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG 10440
 ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA 10500
 TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG 10560
 10 TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA 10620
 CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT 10680
 15 TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCAGTA TCTAATGGTA 10740
 CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG 10800
 ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTAATAATA CCCAGACGAC TATGTGGATG 10860
 20 AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA 10920
 GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT 10980
 ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA 11040
 25 CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT 11100
 TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC 11160
 CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA 11220
 30 GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA 11280
 AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCGA 11340
 35 TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA 11400
 ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA 11460
 ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA 11520
 40 CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG 11580
 TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT 11640
 CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA 11700
 45 TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT 11760
 CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC 11820
 ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA 11880
 50 ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA 11940
 TTCATAAAAC TGTAAGATAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG 12000
 55

EP 0 786 519 A2

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1316 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

15

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTGTAAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTCTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTCATTTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTAQATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCGTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTAAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTTAA TCGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	AAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GA CTGGTACA GCACAAC TAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGT CATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAGATA TGTGCGATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCCTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAAC ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTG CAGG	2280
	TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AACTGCAGA	2340
	ATTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TGCGTCAAAC	2400
30	ATTGTCTGAA ATTCTAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAATTGAA TCTTTAAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTcAT TGAACGAGA AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGA C CCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTCGTTTA TGGAAC TACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
50	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180
55		

EP 0 786 519 A2

GGTGCACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTCACAG 3300
 TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGA AAAATTC 3360
 5 AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT 3420
 GGGTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAC ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT 3480
 TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTAATTAA GTTAAATAA 3540
 10 AATTCAATAT TTA AACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT 3600
 CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA 3660
 15 GAA AATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC 3720
 AGTTGTTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA 3780
 AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA 3840
 20 GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG 3900
 TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG 3960
 TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAACAT 4020
 25 CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA 4080
 CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA 4140
 CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC 4200
 30 TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA 4260
 AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCCTGT 4320
 AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT 4380
 35 TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA 4440
 TAGA TTTTA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC 4500
 40 AGCTAAGGGT GTTGGAAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT 4560
 TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT 4620
 ATAAGATTTC AGGAGGAATT ATAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC 4680
 45 AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTCACG 4740
 ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA 4800
 AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT 4860
 50 TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGA ACTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT 4920
 TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAACTTAAT 4980
 55

EP 0 786 519 A2

TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAACT CTGGTGAGCT 5100
TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA 5160
5 AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG 5220
TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC 5280
TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT 5340
10 TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC 5400
TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC 5460
15 AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC 5520
AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG 5580
TGAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT 5640
20 ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA 5700
AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT 5760
TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG 5820
25 TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT 5880
TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA 5940
CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT 6000
30 TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT 6060
TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT 6120
AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC 6180
35 TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA 6240
AGAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTTGGTTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT 6300
40 TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC 6360
TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAACGTCT 6420
TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT 6480
45 AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT 6540
TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACTTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA 6600
AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG 6660
50 TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA 6720
ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC 6780
55

EP 0 786 519 A2

5 tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACCTTGCC CAACTTGCCAC ATAAATGTAA 6960
 AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACACTACC 7080
 10 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200
 TCATCCAAAA ATGATGTTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260
 15 TCGTAGAATA GAAAAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320
 AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440
 20 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG 7500
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG 7560
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620
 25 AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA 7800
 30 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920
 35 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTC AA 7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

40 ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120
 50 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180
 CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

EP 0 786 519 A2

AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC 360
 CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA 420
 5 TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT 480
 GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG 540
 TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAAATATAT 600
 10 CGTTTAAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa 660
 CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG 720
 CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA 780
 15 CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA 840
 TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGaCTAGCCG 900
 20 CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC 960
 CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG 1020
 CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAc CTCGGTTTAT 1080
 25 GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTA AAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT 1140
 AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA 1200
 ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG 1260
 30 aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA 1320
 GGKTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG 1380
 kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT 1440
 35 TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA 1500
 TTGGAAAAGA TGtCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT 1560
 AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC 1620
 TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA 1680
 TCGATATGAT TAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC 1740
 45 AATGTATTTA TTTCTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT 1800
 AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG 1860
 GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACTTTATT TAAAGCCTAG 1920
 50 AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA 1980
 ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT 2040
 55

EP 0 786 519 A2

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTATAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAAAT TACTACCACG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTATAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880
 25 TCTGCCTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGTAAC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTG ATATCGCTTT TTGCAATTA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TACACCTAAG CATTTCATATT TTTTAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA GAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

55

EP 0 786 519 A2

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
AGACCAATTG GTATTATAT TTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
5 GGTATTACAA CGTATTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAnAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4121 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGA_rG TCCTGCTTGG 120
ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGATAGT 180
GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540
AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTCTTT 600
40 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
TTATTA_rAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780
TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

55

EP 0 786 519 A2

TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT 1140
TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA 1200
5 GGTGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT 1260
CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG 1320
AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA 1380
10 TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT 1440
GGTAAGAAAC AAACGTTAAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATT TTTTAATGTT 1500
TCGTTTAAAT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA 1560
15 AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA 1620
TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG 1680
TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT 1740
AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA 1800
ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA 1860
25 ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGCA GTTGCCCATTA CCATACCTTG ATGTCCGAAT 1920
AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGGAAGGATA 1980
ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCATACCC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA 2040
30 CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT 2100
AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT 2160
ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT 2220
35 ACAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG 2280
TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTGTGCCAA 2340
CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAATCAT ACCTGCAAAG 2400
AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT 2460
AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG 2520
45 ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCTGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA 2580
GGTACTGTTA ATTGCGCACG AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT 2640
ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTTCT 2700
50 TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG 2760
AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC 2820
55

EP 0 786 519 A2

TTGAAATTTT CTTCATTCTT TTCGCATTTT TCGATTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT 2940
 ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG 3000
 5 TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT 3060
 CTTCACTAGT GAAGTTTGGG TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA 3120
 TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTG AATTCTAAAG 3180
 10 CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTCTT 3240
 TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTGT ACTAACGGCA TTTACTTTAA 3300
 ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG 3360
 15 TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC 3420
 CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG 3480
 GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA 3540
 20 AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG 3600
 GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA 3660
 TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT 3720
 25 CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA 3780
 AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACCTCTGA CTACTTGCTA 3840
 CTGGCCCTTT TGCCTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC 3900
 CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG AACTTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT 3960
 GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA 4020
 35 AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT 4080
 TGTAAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T 4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9310 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50 CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT 60
 ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC 120

55

EP 0 786 519 A2

TTGGATTACG ATTAGTTGAA AAGTCGGTTA ATCAAGACAA TCCTTCAATG TATCATTTGT 240
 TTTATGGGGA CGAAGTAGGT ACAGCCGGAA CAATTTTAAG CTTTTTTGAA ATTCCCAATG 300
 5 CGGGTCATAA GCAGCCAGGT ACTGAAACGA TTTATCGATT TTCATTATTA GTACCAAATC 360
 AAGCGGCACT TCATTATTTT GAAAAACGTC TTGAGAATAA TGGTATTAAG TCTGAACGTT 420
 TGTACTATCT TGGACAAGAA GGTGTTGTCT TTAAAGATGA AGACGACTTA GAAATCATAT 480
 10 TGCTTGTTAA TGATAGTTTT GAAGTACCAC ATCAATGGCA ACATAACGCT TATAGTGAAA 540
 TACCTCAAGC ATATCAAATT TTAGGAATAG GGCCAGTCGA ATTAAGAGTT AGAAATGCAG 600
 CGCGTACGGT AGAATTTTTG GAAAATGTCT TAGGTTATCG CAAAAGAGAT AATAAATCAT 660
 15 TCGATGTGCT GACATTAGCA CCACAAGGTT TATATTCGGA TTTTGTAGTT ATTGAGCAAC 720
 AGGGACAACG TGAAAGACCT GGACGAGGTT ATATCCATCA TATTGCAGTT AATACACCAC 780
 AAATGAGTGA CTTAGATGCA ATTTACAAGA AATTACAACA ACAACCACAA AGTAATTCAG 840
 GTATAATTGA TCGCTATTTT TTTAAATCAT TATACTATCG CCATAATTCA ATTATGTATG 900
 AATTTGCGAC TGAAGCGCCT GGATTACTA TTGATACACC TGTGAACAA TTAGGAAGTC 960
 25 AATTGAACTT GCCTGACTTT TTAGAAGCAG AACGTGAACA AATTGAAAGT AAGTTACACG 1020
 AAATATAAAG GAGAATGTTT AATGGCCAAA TTAGAAATGA ATAAAAATAC GCCTCTTGAG 1080
 TTTGGTTTGT ATTCCTTAGG TGATCATTTA TTGAATCCAT TGAAAGGTGA AAAAGTTAGT 1140
 30 TATGAGCAAC GTATTAATGA AATTATTGAA GCAAGTAAAT TAGCAGATGA AGCAGGTATT 1200
 GATGTTTTTTG CAGTTGGTGA AAGTCATCAG GAGCATTTTA CAACACAGGC ACATACGGTT 1260
 GTGTTAGGTG CAATTGCCCA AGCGACAAAG CATATTAAAG TTTCAAGTTC TTCAACGATT 1320
 35 ATTAGTGCAc AGATCCTGTA AGAGTATTTG AAGACTTCGC GACATTAGAT TTGATTTCTC 1380
 ATGGTAGAGC CGAAATTGTA GCTGGCAGAG CATCAAGAAC AGGTATTTTT GACTTGTTTG 1440
 GCTATGATTT AAAAGACTAT GATGAATTGT TTGAAGAAAA ATTAGGTTTA CTTTTAGAGT 1500
 40 TAAATAAAAC TGAGCGTATT ACTTGGTCTG GAAAATATCG TCCAGAACTT AGAAATATGA 1560
 AAATATTCCC AAGACCAATC GATAATATAT TGCCAATATG GCGTGCTGTT GGTGGTCCAC 1620
 CTGCAAGTGC TATTAAAGCG GAAAAACAAG GTGTGCCAAT GATGATTACA ACCCTTGGTG 1680
 45 GCCCAGCAAT GAACTTTAAA GGTTCATAG ATGCTTATCG TCAAGCGGCA ACTGAAGCAG 1740
 GTTTCGATgC TTCGCCTAAG TCTTTACCAG TAAGTACAGC GAGTCTGTTT TATACAGCTG 1800
 50 AAACAACCTCA GGATGCTATG AGAGAATTTT ATCCACATTT GAATACAGGG ATGTCATTTA 1860
 TTCGTGGTGT TGGTTATCCG AAACAGCAAT TTGCTAATTC GTCAGATTAT CGAGAAGCGC 1920
 55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG TTTTATGGCA CAGCTTGATT TTGGCGGTGT GCCATTTGAA AATGTTATGA	2040
	AGAAATTATGA GTTAATTGGC AACGACATTA TACCGGCGAT TAAAAAGCAT TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG TCATCATGAA TATTGTATTA TTGTCAGGTT CCACAGTAGG TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA TGGATGATTT AAAAAATGAA CTAGAAGTCA TCAATGAGGG ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG ATTTACGAGA ACTTGAATTA GAATTTAGCG TTGGAAAGAA TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG ATGTATATAA ATTAACGACG TCGTTAATGC AGGCTGATGT GATTTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA TTTTTCGAAGC TTCCATCCCT GGTGCTTTGA AAAATGTGTT TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG CGTTTCGTGA CAAGGTAATA GGACTTGTA GACAGCAGG TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA TTCCTGAAAT GCATTTAAAA CCAATATTGA GTTACATGAA AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT ATGTATTTAT TGAAGAGAAA GATTTTTCAA ATCAACAAAT TGTCAATGAT	2580
	GATGTTGTAT TTCGGTTAAA AGCGTTGGCA CAATCCACAA TCGGAACTGC CAAAGTACAA	2640
20	CAACAAGTGT TTGAAGAAGA AAACAACCAA TACGACTTTT AAAGTATAAA AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT AAATTGTGAA GTGTTTGAGC GTCTTTTCAT ATTAAGTATA TAGCCAATGA	2760
	ACGACGATAA AGGCAAGTGA TGACAAGCAT ATTGAGGTAA TAATGATTGT CATAAGCGGT	2820
25	TTAAGTGCGC GATTTTAAAG ATCTTTAAAT GCAACATTTA ACCCTAAAGC AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC AAATTGTTGA TACAGTATTT AAAATATTTA GCAATGCTGA CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT TCACTAAGGC CATAATGACA AATCCAATTA AAAAGTATGG AATGCTTATT	3000
	CGACCCCTGC TAGATGATTC TGATGAACGG AAACGCATAA TTAAAATAAG TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA GTAAGAATAC TCTACCAAGT TTACCAAGAA GTGCAATTTT AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA AGCCACCAGC TAAGACAACG TGTGCAATTT CATGAAGACT AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT AAACATTTGT CGTCATTGAA AAGATAGCGT AGATAGCTGT ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG TACCAATCAA TGCGATGATA CCGATACTAA TAGCTGTATC CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA TTGGAGCGAC TGCGGCAATA GCAGCAGCAC CACAAACGCC TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA ATGCGATGTT TTTGTCACCA TGCAACAGTT TGTGACAAA GAGCATCATT	3420
	ACAATACTGA AAATAACGAC ACCTACATCG ATGGCTAATA GTTTACTACC TTGACCGATA	3480
45	ATATCGAATA TATTGAGTTT AAGTCCATAT AGGATGATTG CAAATCTTAA TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG TAATACCTGA GCTATATTGT TCAGGATATC CTCTAAAGTG ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA ATATCGCGAT AGTTAATGCG CCAACCTTAT CTAGGATTGG CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC TAAATAATGC GACTATAAAT GTTAGTGATA GCCCAATCAT AAAATGCTTA	3720
55		

EP 0 786 519 A2

	ATTTTAAAT ATAAATTG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAACTTG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCC CAACATAGAG	4020
	AATTTCGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
20	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGAGTT	4560
	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
40	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAAG AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTGA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
	GTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAAGAG CATTGAGAGA TTTAGATCCT	5280
45	AAAATTGATG CACGCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520
55		

EP 0 786 519 A2

GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTAAACCTA TTTAGAGAA AAAAGATAAA 5640
 AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACTTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT 5700
 5 AAAGATAACA ACGGCGGTTA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA 5760
 TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA 5820
 TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGA AAAA 5880
 10 TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT 5940
 CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGGA AAA AGATGCGTAT GAATTTTATG 6000
 GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAC ATGCAATTC GTTGC GTTAG 6060
 15 ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG 6120
 CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC 6180
 CAGTAGATAC CGGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA 6240
 20 TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG 6300
 ATTTACCGCA TTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA 6360
 TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTCAAT TTAGTTCGTC 6420
 25 CATTTGAGTA TATTGTTAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA 6480
 AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA 6540
 30 ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG 6600
 TTGTCAGACG TATTC AAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG 6660
 AGGCTACATT TGGTCGGA AAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG 6720
 35 ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC 6780
 ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG 6840
 ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTATT GCTTTTCAA 6900
 40 AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG 6960
 AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG 7020
 GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG 7080
 45 GTGTGTAGCT TTGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA 7140
 TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT 7200
 50 AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT 7260
 AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT 7320
 55

1174

EP 0 786 519 A2

	GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA	9240
	CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCAC	9300
5	AATTGATAAA	9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

	ATTAGTATTA	CACACTAATG	TAAATAGATT	GGTTGGAGAA	GAGATATTTG	CTAATAAGTG	60
20	CCTTGCTAAT	AATGATGTTT	AAATTATGAA	TTCAATAAAA	AAATTAATTG	AAGCTGAGTT	120
	ATTAACAACG	ACTAATGATT	TTGAAGTTAG	TATATATAAA	AAGACAAGAC	CTGAATTACA	180
	AAGTATTTTA	AAAAGTTTTG	GTATAAAAAC	AACAGGTAAT	AAACCTGACT	TAATTAAACG	240
25	TATTGACGAC	AATTTTCATA	TTATTAATAA	CTTAGATTTA	CCATATGTAT	ATATACCAAT	300
	TAAGAAAGGA	GAAGAAATTT	TAAAGAAAAC	AGAGTACTTA	ACCTCTTTTA	TACAAAGTTA	360
	TGGTGAAATT	TCTCTTGAGC	GTGCTTATTA	TTTGGTTGAA	AACTATATAG	ATGAAAATTG	420
30	CGATGATAAA	GTTGCAGAAA	TATACAAGTT	TGAATTTCAA	AGAAAATATG	ACAATGGCGA	480
	GTTTGATTTT	AATCATGGAT	ATAATTTCGA	ATTGAATATG	TTGATAGATC	ACTATAAAAG	540
	AGATGTAAAA	GACTACGATA	ATGCCAGAAA	GTATTCAAAT	ATTTATCTTT	ACTTTGGTTT	600
35	GAGAGATTTC	TTAAAAAAT	TAATGAGTAA	TTATTCATAT	TACGATAgTA	AAGGGAATAT	660
	AGATTTGAAC	GAAATACAAA	ACGATCTGAA	TAGATTTATC	AACTCTAGCG	CTTCTGGTAT	720
	GTACGAGCGA	TTAATATATA	ATGAAAAATT	ATCCAATAAT	ATTATGTTTG	AATTATTTAA	780
40	AAAGGACACA	CAAGATTATA	GTGATTTGGA	AGAACAATTG	ATTGAAAAGT	TCATAAACTA	840
	TGTAGTGTCT	AATGTAAAAA	AAGAAAGTAG	GAGTAATACT	CTTATAGAGT	TATCAAAAAT	900
	TTTAGAGAAC	GGATATACAA	TTGATAAAGA	AGAATTTAAA	AAAGAAGATG	ATTATCTTTC	960
45	TAAGTACATA	TTTACTGACA	TAGATTATTT	GAAAAAGTTA	GAATCAAAAA	TAAACGTTGC	1020
	TATTGATATT	CGAAGTGGAG	AAATTCATTT	GGTATTAGAT	GATGATAGCC	TTGATATATT	1080
50	AATACAAAAT	CAAAAATACG	GCAATGAGTT	TTGAGTCATA	ACTAAATATA	ATATGTTGAA	1140
	GAGAGGTTTT	ATTTAAATGG	CTAAAATTGG	TTATGATCGT	GTATCAACGA	AAGATTAATA	1200

EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCT	1560
10	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTaAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTtATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTaAC	1860
20	AATCATTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTTAAA TAAAATATAA GGTCAACGTC TTTTTAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTGT TGTTCaAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAAAC CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGcYCT	2340
	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTGTT TTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAaA	2580
40	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000
55		

EP 0 786 519 A2

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120
AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180
5 ATAAAAATTT GAACTAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240
ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300
TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360
10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420
TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 695 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:
25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60
ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAAa 120
TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180
30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240
ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGAcG 300
ATTGATCCTC AACCATTTGT TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360
35 CAACITGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTTGA TGCGTGAAAT 420
ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGTACAGT 480
TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540
40 CTTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTTT 600
TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660
45 GAATATCAAA TTyCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 875 base pairs
50 (B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

5 AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACcTAA TGCAAATAAT 60
 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGA CT TGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120
 GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTT CAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180
 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240
 10 AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300
 GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360
 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420
 15 TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480
 GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540
 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600
 20 TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720
 25 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT 840
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA 875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5897 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40 TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120
 45 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300
 50 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT 360
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

55

EP 0 786 519 A2

	AGTGTGCTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAACTCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
	CTTTTTCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTAAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
10	AACCATCCAG TTAATAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTG GTTAAAAAGT ACTGATTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCATAC	960
15	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAATATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTGTAAA	1200
	TTCAAAATCCA GCGACAATCA TGAATGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GCGGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
	TAGACGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
35	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAgTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
40	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCAGC TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220
55		

EP 0 786 519 A2

	TTACCAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAgCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
	CTGACAAAGA AAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
15	AATTTGACTA TGCACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
20	GTGTCGTTGT ACAATTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
	AATTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
	ATGTTTLAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
40	ATATCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
	GTTTAAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020
55		

EP 0 786 519 A2

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT TTTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTCACTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACCCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTACG TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAAATA AAACAACATAT	5820
55		

TTAAAAACAA AAAAGCT 5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 7965 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

TCATTCTAAA	TCAACTTATT	TTCCATTGCA	TAAATGCTG	CTTGTGTACG	ATCGCTAACT	60
TGTAATTTAC	TAAATATATG	ACTGACATGT	GTTTTAATTG	TTTTTTCAGA	TACAAATAAA	120
GTTTCTGCAA	TCTCTTTATT	TGTTTTACCT	TTAACCATTT	CACGTAACAC	TTCAATTTCT	180
CTCTTTGACA	ACTTATTCGT	GTAGTGTGGT	TTTTGGCTAA	CTGTTTCGAA	TACATCTTGT	240
GCCTTAGGAT	GTATCATTTT	TTCACCGTTC	ATAACTCGTC	TAATAGTTTC	AATTAATTGC	300
TGAGGCTCAA	CGTCTTTCAT	TTCATAACCA	TCAGCACCTT	TATTGATTGC	TGAAATTACA	360
TGTTTCATCAT	CAACATAACT	TGTTAATACC	AAAACTTTAA	TATCCGGATA	ATGTGCCTTA	420
ATATATTCCG	TAATTTCAAT	ACCATTCATG	CCAGGCATCA	CTAAATCTAA	TAGCACAATA	480
TCAGGGTGCT	CATGCTCTTT	TAAATATTCT	AAAAATGTTT	CTCCATCTGC	AAAGTCTTGT	540
AAAAC TTCTA	TGTTTTCAaT	CGTGGaTAAT	AAAAATCGCA	ATCCTTGtCG	CACAAATATAA	600
kGGWCATCTA	CTAATATnAc	TTTGTTTCATG	GGTTATCTCC	TTAAAtCAAG	CTATTTTATA	660
GGAATGTGTA	ATTGTATTTG	TGTACCCTTT	GTTGGCTGAG	AATGAAAGGT	CACTTTACCT	720
CTTAATAAATT	TAAC TCTTTG	TTTTATGTTA	TTAATACCGT	GTGATGAAGC	TATCTGAACA	780
TTATCGATCT	CAAATCCTTG	ACCATAATCA	ATCACGTCAA	TATATAGTAT	ATCGTTCATT	840
TGTTTTAATG	TAAGATCCAT	TTTATTCGTA	TCAGCATGTT	TCTTAACAAT	ATTAATACAC	900
TCTTGTAATG	CTCTGTATAT	GTTTTCTTCG	ATTTCATTAG	ATAAATCGAT	TAAACCTTCT	960
ACATTTACAT	TTAATTGTAT	ATGCATTAAT	TTACTATATG	CTGTCAAAGC	ATGAATTAAA	1020
CCTTGCTCAA	GTCCAAC TGG	CTTAAGTnGC	CAAATCAATG	CACGCATTTT	ATTAACGGCA	1080
TTTTGACTCG	TTtCCTCAAT	CGTCTTGAAT	GCTTGTTTAG	CGATGGATTTC	GTTTGACATG	1140
CCATACGCAG	CATGTGctGT	TAGTTTTACA	GAAAATAACA	TTTGATTTTAC	TGAATCATGT	1200
AAATCTCTAG	CTAAACGATT	ACGTTCAATTA	ATTTTTGCCG	CTTCTTTTTTC	ACGGTCTGTT	1260
AAATAAATAC	GTTTGATGGC	TGACCCTAAT	TGAAATGCGA	CAGACTCTAG	CAACTCTAAA	1320

EP 0 786 519 A2

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCAATTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTCAAC TACGCTATTG	1620
10	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAECTAT	1800
15	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAAATA CCAGAAAACCT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAaaaaaAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAATCCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAATGTAA GGCACTTTTA CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATWCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
40	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120
55		

EP 0 786 519 A2

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC AAATTGTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCTTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC ACTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGTATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGGAAGT TGCGAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGGACTG CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA CATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTCATT	3660
	TTCAGGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCA GGATGCGCAT TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTTGTCTTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTAAATAATT GAATCAAAT TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTTAA TGAGGTTCT AATTTTGTTC CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaa TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATTk GGGTGGATAC TTTCATCACT TTGATGATCT TTTAAATACA TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTGCCCATAC	4320
	AACTAGTGGG AAGTGTTTCA CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTTCTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATTA AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTCAACCCT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTIA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGtAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920
55		

EP 0 786 519 A2

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA	5220
10	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTTCATTA AAAATATTAC	5280
	TGATAGATGA CTCTTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTAAAAATG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
15	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT	6000
	TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC	6060
35	ATACTGTTTT CTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
	ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720
55		

EP 0 786 519 A2

	GATATTAATA	ATTATTATAC	CCTAACTTTC	AATATATCAA	ACCATTTAAC	TTTAACATGC	6840
	TTATACTCTA	AATATAGCAC	TTAAGCATCA	TTTTTATAAT	GAAAATGAGT	AAATTTTAAT	6900
5	TCAATCCCGG	TAATCTTGT	TGACGTAACG	CTTCATAAAT	TAACAACGCA	GCAGTATTTG	6960
	ATAAATTTAA	TGAACGAATA	TGTTCACTCA	TAGGAATTCT	TAACGCTGTG	TCTTGATATT	7020
	TCTCTTTCAC	CCAGTCTGGT	AATCCTGTCT	TTTCTTTTCC	AAAAATGAAG	TAAAAATCTT	7080
10	TGTCATGATT	TGAAAAATCA	AAATCACTAT	AAGTCTTTTT	ACCAAATTTT	GTTAATAAGT	7140
	AATACTCGCC	ATTGTGACT	TCAAAAAATG	CTTCAATACT	ATCATGATAC	GTAATATTCA	7200
	CAAATTCCTA	ATAATCTAAA	CCGCTCTTT	TTAACATTTT	ATCATCAGTT	CTAAATCCAA	7260
15	GAGGTTTAAT	TAAATGTAAA	TGTGTGTTTG	TACCTGCACA	CGTACGCAAA	TGTTACCAGT	7320
	ATTAGCTGGG	ATTCTCGGTT	GATATAAAAC	GATATGATTT	GTCATATTAC	TATTCTCTCC	7380
20	TTGTGTCTAA	TCCTTTTATC	ATTTCAATTCT	GAAGTTCTGC	ATCCTCTTGA	TCATAATTAG	7440
	CATTGATAAA	ATCTCTTGCT	TCTTCCCCAA	GAATTTGACC	AATGGCCCCA	TAAGCAGTTG	7500
	CTCGAATCAA	CGTCTTTTCA	TCTGTTGTTG	CAACTTTTTT	CAATTCTGGA	ATTGCATCCA	7560
25	CTTCATTAAA	ATGCGCCAAT	GCTAAAATAG	CATTTCGTTG	TATCGGCTTT	TTACCACGCC	7620
	AAGCACCTGC	AAGGTGACCA	TATGTTTGTT	TGAATTCTTT	ATTAGACATA	CGTAGTAAAG	7680
	GTAATAATCT	TGGCTTTAAA	ATTCTCGGTT	CCAAAATGAT	GTCATCTTGT	TCGGTATTAA	7740
30	TACCTCTATT	TTTCGGACAA	ACTTGTGAC	ACGTATCGCA	ACCATATAAT	CTATTCCCAA	7800
	TTTTATAACG	ATATTGGTCA	GGCATATAGC	CTTTTGTTTG	CGTTAAAAAA	CTAATGCATT	7860
	TCTGACTATT	TAATTGGCCA	TTTCCAACCTA	ATGCACTTGT	TGGACAACGA	TCAACACAAA	7920
35	TTGTACAATG	CACCACAGCT	ATCTAATAAT	GGATCATCAG	GTTCC		7980

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

	GCCCTGTTGG	AGAAATCACC	TTTATACGAT	GGTTGAAAAA	GCATCATTAG	GTACAATCGT	60
50	GGCAATTATA	GTTATTTTGC	TGTTTTTAAG	AAACATTCGT	ACGACGGCAA	TTTCTATTAT	120
	ATCGATTCCG	TTATCACTTC	TTATGGCGCT	TATTGCTCTG	AAATTGAGTG	ATGTTTCATT	180

EP 0 786 519 A2

	TG	TAGTGTGTT	GAAAAATATTT	ATCGACGCTT	AACAGATTCA	GAAGAACAAC	TAAAAGGTGA	300
	AA	ATTTAATT	ATCAGTGCGA	CAACTGAAGT	ATTTAAACCA	ATAATGTCAT	CGACACTAGT	360
5	TACT	ATTATC	GTCCTCTTAC	CACCTGTGTT	TGTATCAGGT	TCAGTAGGCG	AAATGTTTAG	420
	ACCT	TTTTGCA	TTGGCTATTG	CATTTAGTTT	ATTAGCATCG	TTATTAGTGT	CAATTACACT	480
	CGT	TCCAGCG	TTGGCAGCTA	CACTATTTAA	AAAAGGCGTT	AAACGTCGTA	ATAAACAAACA	540
10	TCA	AAGAAGGA	TTAGTGTTG	TTAGTACAAC	TTATAAAAAA	GTATTACATT	GGTCATTAAA	600
	TCATA	AGTGG	ATTGTAATTA	TATTAAGTAC	ATTAATTTTG	GTTGCAACTA	TTGTATTTGG	660
	AGG	ACCGAGA	CTAGGCACTA	GCTTTATTTT	AGCAGGTGAC	GATAAATTTT	TAGCTATTAC	720
15	TTATA	CACCG	AAGCCTGGTG	AAACGGAGCA	AGCAGTGTG	AATCATGCGA	AAGATGTTGA	780
	AAA	ATATTTA	AAACAGAAAA	AGCATGTAAA	AACAATTCAA	TACTCAGTTG	GCGGTAGTAG	840
	TCC	AGTAGAT	CCAACGGGTA	GTACAAATAG	TATGGCAATC	ATGGTTGAAT	ATGATAATGA	900
20	CAC	GCCTAAT	TTTGATGTAG	AAGCGGATAA	GGTTATTAAA	CATGCAGATG	GCTTTAAACA	960
	TCCT	GGAGAG	TGGAAAAATC	AAGATTTAGG	AACAGGTGCA	GGTAATAAAT	CTGTAGAGGT	1020
25	TACT	GTAAAA	GGTCCATCAA	TGGATGCCAT	AAAATCAACT	GTAAAAGATA	TTGAACAGAA	1080
	AAT	GAAACAG	GTAAAGGAC	TAGCCAATGT	CAAATCTGAT	TTATCGCAAA	CATATGATCA	1140
	GTAT	GAAATT	AAAGTCGATC	AAAATAAAGC	GGCAGAAAAAT	GGTATTTCTG	CAAGTCAACT	1200
30	TG	CAATGCAC	TTGAATGAAA	ACTTACCAGA	AAAAACAGTT	ACGACTGTTA	AAGAAAAATGG	1260
	TAAA	ACTGTT	GATGTTAAAG	TCAAACAAAA	TAAGCAAACA	GC		1302

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1003 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45	ATATATATTA	ATTTAAACGT	GT TTCACATG	TACCAGTGT	AATGACAGAT	AATGCTGCGT	60
	TTAAACCACC	TTCAACAAGG	TTTTGTACTG	CTTCATCAGA	GAAGAAAGCA	ATATGTGGTG	120
	TTACTAAAAT	TCTTTCATGT	TCGATTAACT	CTAATAATGT	TTTATCGTCA	ATGCTTTTAT	180
50	TAGTCCAGTC	ATTGTGGAAG	TATGCTGCTT	CATTTTCATA	AGTATCAATC	GCAGCACCTA	240
	ACAAAGTACC	ATCGTTCACT	GCAGCGATTA	AATCAGGTGT	ATTGATGACT	GCACCACGTG	300

EP 0 786 519 A2

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTCTT GCTTGCCAAG 600
 TAAAATCATG TGCTTGTA CA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 10 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 15 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 35 AAATAACCGT ACTGTTCAAT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCAGAGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTCCATGC 180
 ATTATTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAA AAtAAACctA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTCA 420
 45 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATGTGTT GTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTGAG CACCGATATG ACTTGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTGCA 660
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720
 55

EP 0 786 519 A2

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAAC TAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCACG GACTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTC ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
15	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCA GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGA TATCACTTTT AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCGCT	1860
35	TCTTGTA CTTCATTGGC AACTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCGTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
	GCTGTTTTGG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
45	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTC CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

EP 0 786 519 A2

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTCTTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTGTGAATA TCTTTTGTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACCTCTAT AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG ATACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTGT ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCACGTTT AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTTCTGC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAAACTTC ACTATTACCA AATGATTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTCTTCTA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG CTTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTCGCT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAATA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACCTTT GTCTTCATTC GAATAAATG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACCTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACACTCCTC AAACCTATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAAaT	3960
	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaAAT AATAATTTCA AAAATGACTA	4020
45	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTG GTGAAACATT TTCGATTTCT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAATA ATAAATTCG AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTTAGTAATT TTTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320
55		

EP 0 786 519 A2

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440
 TGTGTTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTCCA 4620
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740
 AAACCTAATT CTTCGCAAAT AATTGCAAAA ATAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800
 CCCAATTTC A TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTAGC 4920
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACTTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1389 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660
 AACC GG CATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCA 720

55

EP 0 786 519 A2

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG 840
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900
 5 AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960
 GCCAGTTGCT TATACAACCTA TGGATGACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080
 10 TGTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140
 GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT 1200
 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA 1260
 15 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380
 20 TTTTATTTA 1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 2746 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACACAATT TGCTGGTTAT 120
 GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT 180
 TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG 240
 40 ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT 300
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360
 AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGAAAAGGG KTTTATTTTG 420
 45 aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA 480
 AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC 540
 50 CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT 600
 TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTcAGTA 660
 TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720

55

EP 0 786 519 A2

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GGCGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAATTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTATAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCCTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
	GACTTAATAT CATATTCAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
30	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTGTAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTGTGTC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCTAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
45	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTCAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

EP 0 786 519 A2

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTTt CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CAAAATTGA 60
 20 AGTTTGAATT TTAAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTCAAA GAAATTCATT 120
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTATAGTG TGTAGTATAT 180
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300
 ATATCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420
 30 ATTGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780
 AGTTACATTA TGTATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840
 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

1195

	ATCTGAnTnG	AGATAGTGAT	AATGTGTCAC	CcAATTTTaA	AcCtTTATTT	TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA	CaCtTCaTTa	TcTtTAGtCG	cTTTATGcCC	tTcTATTAAA	CtCGGaACtA	120
5	AAAATGaTga	CtTTTCAACa	CCGAACaCTA	AAACaTTGtC	tTTTTGATGG	CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC	TGTTTGCTTC	AAAGTAGCTT	GCTTCTTGTA	TTTATTTTCA	ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC	AGATTGTTGC	ACAGTTTGAT	TGGCATCTTT	ATTTAGAACA	ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT	ATCAATGCCT	TCTTTATTCA	TATTGATAAG	ACCATTGCGC	AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG	CAAGTAACTA	ATCATCGTTA	ACACACCAAT	AATTAGTCCA	AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG	TATTTCAATC	CAAGCTAAAA	ACATGCATTT	CTCTCCCTAC	TACTATGATT	480
	TAAACATTGT	TTATATTCTT	AGATGCACGT	ACGTCGTGTT	GCGCTCTGTA	ATGTTATACA	540
	TACACTTATC	CTTCATTATA	CCCGAACTTT	TTATATTAAA	AGCAAATTTA	TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT	CTATTATTTT	TGTACGGTAC	ATTTAAAAAT	AAGGATCAAT	TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC	CTTTAAGTAC	ATGTAGACGT	CCAATTCATA	TATTATTTAA	CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG	AATTGCTTAA	TAGCATTTTT	ACGTAATTTA	TCTTTTGCTT	TtTCACCTGC	780
25	TTTATAGTTA	TTGTTGTAAA	TCGTAGCTTC	CCAACACCA	TACATTGGGT	TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTT	TTACCGAAAT	CGTCTTTATG	TTTTTCAATT	AATGCTTCAC	GAGATTGAGC	900
30	TGTAGCTTCT	TTTGGATCTG	TAAAGTCTAA	TAAATTATCT	CCAAATAGCA	TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT	TGAACCATTT	GTCTGCGTGA	TTCTTTACTC	TTATCATCTT	TACCTTTTAG	1020
	TAAAAATATGA	CTCTTCTTAG	CTTGAGGGAT	ACCTTGTTGT	TTTAAGTTCT	TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT	TTTTCTTTAT	CTCTATCAGA	AATATAGTAG	ATATCGACAC	CTTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTT	AAGAATTCTT	TTGCGCCATA	GACAGGTTTA	GCTTTAGCAG	cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA	CCTTCTGGGA	AAGGTTTATT	ATGTATTGAT	GCATAGCCTT	GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA	ACTGTTTCAT	CTAAATCCAA	AGCAATAGCT	AACTTATGTT	TACCTTTATT	1320
	CTTTTTAATC	TCTTTATCTA	ACTGTGTCTT	TGCACGTGTA	TAACCTTGTA	AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA	GCTGAATTTT	GATACCAAGC	CACTGCCATA	ATATTTTGAT	TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT	GATGCTGGTA	TAGAAGCTTG	TTGCGTTTGT	TGAACTTCAG	CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT	GTAGAATTTG	TCGTTTGTGG	TGCTGAAACT	GTAACCGCTA	CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA	ATATACTTTG	AAATTTTATT	CATCTTATCA	CCTCATGATT	AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA	AATTATAAAT	GCATTTATTT	AATATTGCTA	TACTATGAAA	AGATATTTAA	1680
	TATTATTTCT	TGgAAAAGCT	AACAAATATG	TGAACATTTT	ATATAAGCAT	GATTTAATGG	1740
55							

EP 0 786 519 A2

GTGACTAGGC CTTCCTATCA GACATATTCA CTCATCCACG TATCATTATG TGTACAGTGT 1860
 GCTATCTCTT ATTTACCTAT TGGAACAACC ATAAACTCAT CCATAGTTTA CCTTTTATAA 1920
 5 ATAGCAGTCC TCACTCATAC AATTCTCAT AAAAATCACA ACGCTCCAAC GTATTTCCAA 1980
 CTTACTTTCA CCTATTTTAA TTCATAAAAA CGACACTTTA ATTGTCATTA TCCAATAATA 2040
 GCAAGACGTT ATTATTGCAA TCTTTTTTAT AAAATAATAG AATCATAGTA TTGTCATTTA 2100
 10 AAGATAAAGT AAGAACGTTT TTATTTTTCa GATTTTTTTAA ATTATTATGA ATATCTAGTT 2160
 TTAGGAAGGA AATTACATTG AAAAAACAAG TTATTATTTC GGGCCTCATG TTATTTTCAC 2220
 15 TATTTTTTGG AGCCGGAAAT TTAATATTCC CGCCCATGCT TGGCCATACA GCGGGTCAAA 2280
 ATATGTGGAT TGGTATGCTA GGCTTTGCCC TTACAGGCAT ATnACTCCCC TTTATTACTG 2340
 TTATTGTTGT TGCATTTTAT GATGAAGGTG TTGAAAGTGT AGGCAATCGT ATACATCCAT 2400
 20 GGTTCGGGTT TATTTTTGCT GTCGTGATTT ACATGTCTAT CGGAGCATTT TACGGTATTC 2460
 CACGTGCTGC AAATGTCGCG TACGAAATTG GTACAAGACA CATTTTACCT GTGCATAACC 2520
 AATGGACTTT AATTATATTC GCAGCAATCT TTTTGGCCAT CGTTTACTGG ATTAGTTTAA 2580
 25 ATCCATCGAA AATCGTTGAT AATTTAGGTA AATTATTAAC ACCGTTATTA CTATTAATGG 2640
 TCGCTCTATT AAGTATTGCT GTCATTTTCA ACCCTGAATC TGCACTAAGT GCACCTAAGG 2700
 ATAAATATAT AACACATCCT TTCATTTTCAG GAAGTTTGGa AGGCTATTTT ACAATGGATC 2760
 30 TTGTTGCTGC GTTAGCTTTT TCCGTAGTCA TTGTCAATGG CTATAAGTTT AAAGGCCTCA 2820
 CAGATCGCAT GAAAATTTTA AAATATGTCT GCTTTTCAGG TCTTATTGCA GCCATATTAC 2880
 35 TTGGAATGAT TTACTTTGCA CTTCATACG TTGGGGCATC AACAGCTCCA GGAAACTTTA 2940
 AAGATGGTAC AGATATATTG ACGTACAAC TATTACGATT ATTTGGTTTCG TTCGGTAACC 3000
 TCGTATTTGG AATGACGGTT ATCCTTGCA T GCCTAACAAC ATGTATAGGA CTCGTcAATG 3060
 40 tTGCGCCACA TTTACTAAGA AACACGTACC TAAGTTTTCT TATAAAATAT TCGCACTTAT 3120
 TTTctCTATC ATAGGGTTCT TATTTACAAC ACTTGGTTTA GAAATGATTT TAAAAATTGC 3180
 TGTCCCATTA TTGACTTTAA TATATCCCGT GTCGATTGCA CTTGTACTCA TATCATTTGC 3240
 45 TAACATGTTT AGCACATTCA GATTCAAGTG GGCCTATCGA CTCGCAACTG TTATTACATT 3300
 GATTATTTCA ATTTTACAAA TACTAAATAG TTTCAACTTA TTACACGGTG TTATTTTGAA 3360
 50 ATCGTTTATG ATGTTACCTT TAGCAGATAT CGATTTAGCT TGGCTTGTA CATTcATGCT 3420
 CTTTGCTATT ATCGGTTTCA TAATCGATGT ATTTATACGC CGTCCGAAAC AAGCGACAAC 3480
 TTAATAAATG CTCACTGCCT AGTAATGATT GACCCATCGT TACTAgGCTT TTtctATATGA 3540
 55

EP 0 786 519 A2

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2187 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAAGTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTTCTTGG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTG ATGCATTTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAACCGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAACCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

EP 0 786 519 A2

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500
 5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680
 10 GATGTTAAAG TTAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740
 ATTGTTAAAG TTAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800
 15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860
 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTTCGCC 1980
 20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTTCGCC 2040
 TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTTCGC 2100
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACCTACG CTTCCGTTTCG 2160
 25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60
 40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120
 CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180
 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTTCATTAA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240
 45 GGAAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTACTAACAT TAACAAAATC 420
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTTGTGTTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

55

EP 0 786 519 A2

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAAGTGTG GCTTTCGTGC CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 AACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTGTGTGTG CAATTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACCTT TGCCCCCTTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCAATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTATATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTCGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1341 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAACAACAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 ATTTGCCAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

EP 0 786 519 A2

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGCGTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCCG CTAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 30 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180
 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240
 55

1201

	CTTAATCTTC	TGATTTGCTT	TkTCTTTTCG	TTCCCTCTATT	AGAGACTTTT	CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA	TACTGCTTAG	ATAAATCATC	ATGCACTTGT	CCGCKtSkTT	TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA	ACCTCTGTGT	CTCTACACGT	TTGTAATTAC	GCTCTAATGA	TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT	CTTTTTCATC	AGTACCAATC	ATCGTCTTAG	CCTTATTAAT	AATATTTCAA	540
	CTAAGACCTA	ACTTTTITAGA	AATGTCAAAA	GCATTTGAAC	GACCCGGCAC	ACCCATTAAT	600
10	AACITATACG	TTGGACTCAA	AGTATCTACA	TCAAATTCTA	CACTCGCATT	CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT	AACTATATGC	TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG	TCGTTGCCAT	TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTC	TAACATGATC	TAAAATGCTC	ATTGCTAATG	CAGCACCTTC	ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC	CTAATTCATC	AAATAAAACT	AAACTATGTT	TGTCTGCATG	CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT	TCGTCAATG	AGATGAAAAA	GTTGATAATG	ATTGTTCTAT	TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT	CGCAATATAC	ATTTTTAAAT	ACACTTAACT	GACTACCATC	AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC	CTGATTGAGC	CATAACAATA	ATTAAACCTA	ATGTTTTTAA	TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG	TATTCGGTCC	TGTAATAATT	ACCGTTTCAA	TATCTTCCAT	AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA	CAACAGTCTC	ACGATTTAAT	AATGGATGGT	ATGCTTTTAGG	TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT	CTTTAAATAT	CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC	TTCTACTATA	TCTCGCTTTT	1200
	GCGATTAAAA	AATCTAACTG	ACCCATGACT	TGTTCTGCCA	CAAGTAGTGC	ATCTTTGTCC	1260
30	GCAGCCACAT	AACCAGTTAG	TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT	TTTCAATTGC	TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC	TAATTTGATT	ATTCAATTCA	ACAACTGATG	ATGGCTCAAT	ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG	CAGATTGATC	ATGTACAATC	CCATTAAAAAT	CTTGTCGATA	TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA	CGTTTCTTTC	ATTCCTAACT	GTTACAATAG	CATCTGATAA	TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC	TTTTAAACAAT	ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA	TACGTTGATT	CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC	TAATCCCTTG	CAATTCATAA	CTCGCATTAT	CATATAAATC	ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT	TTATTTGTTG	AAAAAGATCA	GTTAACACAG	GTAATTGATT	CATCTTGTCA	1680
	TCTAATATTG	GGTATTTAAC	ACCTTCATCT	TCTTCAACCA	ATTGATTATA	AAATGTCTTG	1740
45	AATTGATTTT	GTACTTGAAT	TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA	GCTCTGATAC	ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT	CAGCGCGATG	AATGAATGCT	GATACTTTAG	ATAAGCCACT	CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT	TATTATAGAT	TTGAGCAATC	TCATCCGTTT	CTTCCATTTG	AAAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT	TAGTAGCTGG	CATCATTTGA	TTGACCTTTT	CCAAGCCTAA	GTCATAATA	1980
	GTTTCATTGG	CAACGAGTGA	TTTTATTTTT	TCAAATTCTA	AGACGTCTAA	TGTTTTTTGT	2040

1202

	TCACGCGATA	ATGCGTTAAAT	CACTCTATCT	TTTGTTACAA	ATCCTTTTGG	CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT	CATAAAATCT	AAATGATTTC	TATGATGCGC	ATCAGTGTGA	ATAGTTAAAT	2220
	TCACATTGG	ATATTTACGA	ACGATATCAG	CGCTCAGATC	CAGTCGATGT	GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA	TACTGTATTG	GTTTCTTCAG	CTAATGCCAT	TAATTGTTCA	ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC	TCTTCTACCT	ATAATACGCC	CTGTTGGATG	CGCTATATGT	CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA	TGCATTAGCT	AATCGTTCCA	TAATTTGTTC	TTCTGATTGG	TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC	TCCAATTACA	TAATCAAGTT	GTGCTAAAAT	TTCATCATCA	TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG	TAATATATCC	ATTTCTGTAC	CTGAATAAAAT	ATCAATTTCA	CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC	CTTAATTTCT	TCGTTTTGTC	TTAAAAGTCT	TTCTACTTGT	AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA	ACTTTGTGAA	TGATCAGTAA	TTACCATGAA	TTTATAACCT	TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC	CATGTCTCGA	ATAGAAAACG	CACCATCACT	ATACGTTGTA	TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT	AATATCATCT	ATTGTAATGA	TATTACTTAG	ATCTTTATCA	AATTCGCTAC	2820
	CATCTTCTCG	CATAGCAGGT	GGTATAAAAT	TCACATTAAA	ATGTTTCATAT	ATCTTGCGCTT	2880
25	CACTATCATA	TTGAATTAAT	GTACCATCAG	CTTGTTCAAT	TCCATATTCA	CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC	TTTAGCAAGT	TGTCGAATTC	TTATATTATG	TTCTTTTGAC	CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT	ATGATAAAAA	GCACTTGGTT	CAATTAATCG	AAAATCGACA	CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA	CGCTAATTCT	AATGAAACTT	TTGTGTTCCC	CACTGCAACT	TCTTTTACTT	3120
	TATTGGAAT	ATTTAATAAT	TGCTGCTGCA	CTGCTTTTGG	GTTATCGGTA	CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC	TTTGCTCATT	TCTTTAAAAC	GACGGAAGCT	TCCTGCAGAT	GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT	TAATGTATCT	ATATAATCAA	TGATTTCCTG	ATTAAGTCTT	CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA	TCTATCTTTC	TTAGCACCAA	GTTGTTTCAC	AGCTTCTAAT	ATGTTTGTGT	3360
40	CCGTTTCTTT	AGCAAATCCG	CTTAATTCCAC	TAACTTTTCC	ATTTTCACAA	GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT	ATCAACAATA	TTCAACTCTT	TATATAGCTT	AGCAATTTTC	TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT	TTTCAAAAGT	GGAATAAGAC	CTTCCGGAAC	TTCTTCCTGT	AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA	TTCACCGGTC	TCACGGTAAT	CATTGATTAC	TTCTGCAACA	CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA	CTCCGTTtACA	TCAGATATTT	CATCTAATGG	TCGTTTCATCT	AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC	TTTTGCaTAC	GCTGAtATTT	TAAAAGTATT	TTCCCCTTTT	AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT	TTGTTCTAAT	AGTTTGATAA	CATCTTTTTT	TGTCATAATA	ACACTCCATA	3780
	AAAAGAAGAC	CAGGACGTAT	CATTAATATA	TACCTTTGTC	CTGACCTCTT	ATGATAATTT	3840
55							

EP 0 786 519 A2

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140
 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200
 10 ATACAATTAA TCTTCTACA ATAGATTGTG AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380
 ATTTGTGAAT TTGTGTTTC AAACGTCGAT TTTTCTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTTACCTT GTTTTAAAC 4620
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680
 25 TGACTGGATA GTTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740
 AACACACAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800
 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGCTACTA TAACATTTTC ATAAACATTA 4860
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920
 GTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTTAAACGCA CATTCCCATT 60
 ATGACAAAAT AAATGTGAGT nACATTGTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAACT 120

EP 0 786 519 A2

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTCTA TAGTTCAATG CTAATAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTC TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTCAT	540
	ATTTAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTA TCACTTAAA TTATCTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTTGTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTTCTTCT TTTGTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
25	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAA TCGTTGATCT TGTAATTTCTT	960
	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTTCT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTC AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTC TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAATGA AGTTGACATG CCATTTTGTG	1560
45	CATTCTTCCA TTCATTTTIA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTAA	1680
	CTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
55	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

55

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTTTGG	CAAGGCATCT	TGTACCTCAT	TTATAACTCT	AAATCCcATC	ATTTTCAGTA	3840
	GCATACATTA	GTGGATGCAC	ATGATTTTCT	AAAtTACGCG	CTAACCGAAT	TCTAGAAGAC	3900
5	ATAACAATTG	GTGTTTCTTC	ATTACTTTTC	ATCCATTGGC	TGATATTATC	ATGAATATTA	3960
	TGCGTCATCA	TGTTGCACCT	CACTCTCAGC	TTTTAGTGCT	TTAATTTTCAT	CTCTAACAAAT	4020
	GGCTGCTTCC	TCAAAATCTT	GGATTTCAAT	AAGTTTTTTC	AAATATTTCAT	TCTTTTCTTC	4080
10	GATTTTTCGC	TTTAAAGCTA	TCTTTTATG	TGAAGAATGT	GGTGTCTTTC	CAACGTGCTC	4140
	AAATTGTCCA	CCTTGAATC	TGCGGACGAT	ATCAATGATG	TCATCTTTAA	ATGTTGcATA	4200
15	ACAATTAGCA	CACCCAAATT	TACCAACATG	TGCAATATC			4239

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

	CAAAACCTT	ATTATGTCGT	GTCAGTTATT	AATGCATACA	GTAATGCATC	GTTGTTATTT	60
30	TTTATTTATT	TACTATTTAT	TATGTACCAA	ATCAGCCTT	CAGTAAAATA	GGTCAAATTA	120
	CTGATTTTCT	AAATATAAAA	TGCCTCCTAA	TAACATACTA	TTAGTACATC	ATTAAGAGGC	180
	TCTTGTGTTA	TTTGCATACT	AAGCGCTCAA	ATTTAAATTT	AAGATGAAGA	TTCTTGCAAT	240
35	AATATTTCTA	TATTTGTCGA	TATATCCAAT	GGATCTTCCA	TTGGCAAGAA	TCGATTTACA	300
	ACATTTTCCT	GTCGATCGAT	TATAAATTTT	GTGAAATTCC	ATTTTATTGG	GGaCCCAAG	360
	ATTCCTGGTT	GTTCaTTCCT	TAAATGCGtA	AATAACGGAT	GTTcATCGTT	CCCgTTCACA	420
40	GATATTTTAG	CTAACACTGG	AAATGTTACA	CCAAATTTCT	CACGACTAAT	TTTCAAGATT	480
	TCTTCATTAG	AACCTGGTTG	TCGATTGTCA	AAATTATTAT	TCGGAAAAC	CAACACTACA	540
	AACCCACGAT	CCTTATATTT	TTGAAATAAA	GTCTCTAGTT	TTTTCAATTG	TTCGCTATAT	600
45	ATACATTCTG	TTGCAGTATT	AACAACATAA	ATCACTTTAC	CTCTAAATGC	TTCTAATTTA	660
	TAAGTTAAGC	CTTTATAATC	ACTTACTTCG	ATATCATACA	CATTTCTATT	ATTcATAAGA	720
50	CACCCCTACA	CAGCCTTTTT	TATATTGAAT	ATGTTCTTTT	TAGAATGTTc	TGATAAAAATA	780
	AGTGCGCGTT	TACACCGTGA	ACACACATTA	TATAGCGTGA	TACATTTTTC	GAGCACACGA	840
	TAAATAATGT	TCGAGTTTAT	GTGTTTGCTC	AACCTATCCG	ATTTACCGTC	TTTTTTTACC	900

EP 0 786 519 A2

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTAAAAATC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATCnTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACTGTG TACAC 1245
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTGTGTTA AAATCTTATC TTTTtGAAAA ATTCGATTCC 240
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAr AAAAAGGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTTnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GCGGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTAACTCTA 660
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAACT GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAAA TACTTGGAAT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900
 50 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

55

EP 0 786 519 A2

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320
 ACCAGAACAC ACTATTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1329 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAATTGT ATCCATTCTC 360
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420
 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480
 35 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

55

EP 0 786 519 A2

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTTTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAAACA 1320
 ATTTTITACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

10

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

20 GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60
 TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAAACATA AATAACATAA ATCCTATAAT 480
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA 720
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAAAATTC 780
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840
 45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTACAAAC 900
 GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCA AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960
 ATTTATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGT ATCGCmGCGG AGACTAAAT 1020
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

55

EP 0 786 519 A2

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTCAG	TGAAaATGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTc	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAACGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGctGT	TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAACGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAc	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAAA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940
55							

EP 0 786 519 A2

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT 3120
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360
 TCTACATCAG CATTTCGAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420
 15 G 3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAACGCC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTAT 60
 TTTCCAATAA ATAAaCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300
 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360
 TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTTAA GTCATCGGAC 540
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840
 TGTAATGCTT TTATTTGTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTGTCAA ACTCACAAAT CGTTTCAGCA CCCTAATAT GAACATCTTG ATTGCTAGAA 1020
 CGCATTTTTA TACTATACAT GACGATCACC TcAATCTTCT TGaTGCAAAA TTTCAAACAA 1080
 5 CCTATCTATA TCTTGTTCAG TATGAAAATA CGACAATGAT ATTCTTAACA TTGGCTTAGT 1140
 CACAGTtGGA TACCTTAAAT AACTTGTAAG CACATGATGC TTTAATAATG TTGATGAAT 1200
 GTTCTCAGCC GCTTCTATGT CATCAAACCT AATAAACTTA ATCGGCGAGT TTGaACTATT 1260
 10 ATAATkaACA TTGAGTGCTT TTAACCTTTG GTTAAATAT TTAACCAAC TATTTAATTT 1320
 AGTGCGTCTA TCATCAGCAT TTATTAACCT TTCAATGTTT CTTTTTATAA AATACAAATT 1380
 ATAAATTGGC AAACCTACTG AGTAGATGAG TGGTCTACCG TGATTAATTA aCATATCCTtT 1440
 15 CaCATCaTTT GaACTkaAAA TcACACCCCC GTATGCACCA CATGCTTTAG ATAAACTAGA 1500
 AGTGAGTATA TCTACACCTT GATAATTCGA GTAAtTCTCT AttCCAAAAC TATGTGAAAC 1560
 20 ATCGAGTATC AGTGTGCGT TanATTTATG CTTTAATGAG ACTAATTGAC CAATATCCAC 1620
 AACGTCGCCA TTCGTTGAAA ATACACTATC AGATATGATT ATTTTTGGTA TATTTTGATT 1680
 AGGGTATTTT TCTAACCTTT TTTCTAAATC AGCAATATCT AAATGCTTAT ATATCACTTT 1740
 25 TTCTAAACCA CTTAACCTAA TACCGTCAAT AATACTCGCA TGATTTTCTT GATCTGAAAA 1800
 CACGACACAA TTTGTATTTT TGAAAATATT AAATAACGCC AAATTAGCAT CATAACCACT 1860
 ATTTAAGATA GTACATGcAC TATATCCGAG CCAACCTGCT AACATTGTTT CAATTTCTTC 1920
 30 ATAAGCTGTC GAACTCCAC TAATTAATCT TGAACCTGAT AAGTGATAAC TATACTCCG 1980
 CATAAATCTT TCGAAATCAT CCTTATCAA CGCTATTTGA CCTAATCCTA AATAATCATT 2040
 AGATGTATAG TTCGTACATC TCTTATTTT TACTTCAATA TACTGTCTAT CTATATACCC 2100
 35 TACCGATTTA AGCGACCGAT ATAACCCTTT CTGTTGTAAT AAATCAATTT GCTCTTGAAA 2160
 CTTCACTCTT GTTTTCCTTA TTTTCACAAG TGTCATAATC AATTTCAAAG CCTAAATCAT 2220
 40 TAATCATATC GTAGTCTAAT TGGTTCGGTT GCCCACCAGT AATTAGATAA TncACCGACA 2280
 AATATTGAAT TCGCCGCTTT TAATGCTAAT GGCTGTAACG AACGTAAGTT GACCTCTCTT 2340
 CCTCCAGCAA TACGAATTTT TTTCGTAGGA TTGATTAATC GGAATAATGC TACGATTCTT 2400
 45 AAACATTTCA TTGGTGTTAA ATCATCCATG CTTCCAAACCT TTGTGCCTTT GATTGGATGC 2460
 AAAAAATTAA TCGGAATACT GTCGGCATCC ATTTCTTTTA AAGCAAATGC CATATCAACA 2520
 ATATCTTGAT TAGATTCTCC CATACCACAA ATCAGCCAG AACATGGTGA TATATTATTC 2580
 50 GCTTTCATTA GTTCTATCGT ATCTGTTCTA TCTTTATAAC TATGCGTTGT CACGACGTTA 2640
 TCATGGTAAT TTTCACTTGT ATTAATATTG TGTTTATATC TGTCTACACC AGCTGACTTA 2700
 55

EP 0 786 519 A2

TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880
 5 CCATCGATAA TTTGTTCCCTC TGAATTAA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT 2940
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAATCATG 3000
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060
 10 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1694 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAACTTCAA 60
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300
 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360
 35 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540
 TGTGTTTTsa ATTTCAACAC ACAAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660
 45 CTTyATAGCA TCGTTTTAAct GGCTTTCTCT ATCACCaTa TTACTACCTA AyCCTAAGTA 720
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAT 1500
 15 AATTTCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT 1560
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAnCAACAG TAATACTCTG 1680
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60
 35 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180
 40 CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTGCA CATCTACTTC TGCATATTTA 240
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG 480
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAAATAGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

EP 0 786 519 A2

5
10
15
20

TCTTGTA	AAAA	CTGTACCAAC	AACATTAGAT	CTATCATGTA	AACAAC	TAAC	GGTTGCATCT	780
TGATTAT	TTTA	TATATAGTTC	CCCAGTTATG	TTACCTTTAG	TTTTAAATGG	AATTAATCCG	840	
TTTATGCAAT	TTGCAAAAGT	CGATTTACCA	CTACCCGAAG	CACCAACTAC	TAATACTTTT	900		
TCTCCTGGAT	AAATATCAAC	ATTTATATTTC	TGTAATGTAG	GTGTTGCTTG	ACTATGATAT	960		
TGAAAAC	TAA	AGTCTTTGAA	CGAGATAATT	GGTTCAGTCA	TGATATATCA	TTACCTTTCT	1020	
ATATTCATTT	ACATATCTGA	TTCAACAAAA	TAATAATTCC	TTACGTAAAC	TACCTTTTTT	1080		
AATTTGAGAT	GAaGCATATG	CTTTTAATAA	TATTGTCCCA	ATAATGCCAA	CTGAAATAAT	1140		
ATTTAATACT	GCAGAGATAA	CACCTTGTTGT	ATAAACCTTG	TTAGCTGGTT	CGTTATAAAAT	1200		
CAAAATATCT	AATGTTGGTG	CAATAAGTGC	CCAGCAAATA	ATATTCGCAA	TAATTTGACC	1260		
GATATTAAAA	TAAACCATCG	ATTTCTCTAGA	AAATCGGCCT	GAAGAAAGAT	TTAATTTTAG	1320		
TCCAATCCAG	CCATATAAAC	AGCCTATAAT	TCCCGAGC	1358				

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

30
35
40
45
50
55

TAGAAGAATT	GGAGAAAATG	CTAATTCAAT	TGTCAACATT	CCATAGTTAT	CATGATTTAG	60
AGTTTCTATT	TGTGACACGT	GAAGATGAAG	TTGAAACATT	GAAATGGGCA	CGTTGGTTGC	120
CACATATGAC	ATTGAGAnGG	CAAAACATTA	GAGGATTTGT	TTACAATCAA	CGAACGCGTG	180
ACCAAATTTT	AACGTCAATT	TATAGCATGA	TTAAAGAACG	TATCCAAGCT	GTGctGaACG	240
CAGCAGAAGT	AATGAGCAAA	TTATTTTCAC	ACCGCAATTA	GTGTTTGTCA	TTACAGATAT	300
GTCATTAATT	ATTGATCATG	TCATTTTAGA	ATATGTAAAC	CAAGATTTAT	CAGAATATGG	360
TATTTCAITTA	ATCTTTGTTG	AAGATGtGAT	TGaAAGTTTG	CCAGAGCATG	TAGATACCAT	420
TATTGATATC	AAGTCTCGTA	CTGAAGGCGA	ACTGATTACG	AAAGAAAAAG	AATTAGTTCA	480
ATTGAAATTT	ACACCTGAAA	ATATTGrTAA	CGTCGATAAA	GAATATATCG	CGCGACGTTT	540
GGCGAATTTG	ATACACGTCG	AACATTTGAA	AAATGCAATT	CCTGATAGTA	TTACATTTTT	600
AGAGATGTAT	AACGTGAAAG	AAGTAGATCA	GCTTGATGTG	GTTAATCGAT	GGAGACAAAA	660
CGAAACATAC	AAAACGATGG	CAGTACCTTT	AGGTGTAAGA	GGTAAAGATG	ATATTTTATC	720

EP 0 786 519 A2

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCAAT ATTTCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CcAggTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAA T AATGAmATT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGA TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTAAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATT C ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAATAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520
55		

EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCAATAA	3000
15	GAATTAatAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
	AGTATAGGTA TTCGTATTTC AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TTA AAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAACGTGA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CCAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGTTT AAAAATAATG GGTTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320
55		

EP 0 786 519 A2

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
 TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTATGAA CAAAATGATT TGTTATTCAT 4500
 5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 10 (A) LENGTH: 3931 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTAA 60
 20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
 TTACTTGCGC TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180
 CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTCTAC AATTTCTAGT 240
 25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
 ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
 GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
 30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
 GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540
 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
 35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660
 TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
 40 GTCAAGCTTT AAATTATCT AAAGCTGAAT CTAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
 GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
 AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900
 45 GCGGAAGTGG TACTGGTGCA GCACCAAGTC TTGCTAAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
 TAACTGTTGG TGTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAACTCAAG 1020
 CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
 50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140
 ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

55

EP 0 786 519 A2

GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT 1320
 CTCCATTACT TGAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG 1380
 5 GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG 1440
 ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG 1500
 TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG 1560
 10 GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT 1620
 CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA 1680
 15 CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA 1740
 GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA 1800
 ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGaACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC 1860
 20 aAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC 1920
 ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA 1980
 AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG 2040
 25 CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA 2100
 GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT 2160
 CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA 2220
 30 AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGAT TACAAAGGAT 2280
 GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TCGATGTAC 2340
 ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT 2400
 35 TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT 2460
 GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT 2520
 40 ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAATAA TAAATTTGAA 2580
 ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT 2640
 GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAAATATT 2700
 45 TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA 2760
 AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT 2820
 GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA 2880
 50 AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC 2940
 GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT 3000
 55

EP 0 786 519 A2

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

40 AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTGT CAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTA ACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480

55

EP 0 786 519 A2

AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT 600
 TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT 660
 5 AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAATAAAATT 720
 TATTGATTGG GGTGTCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG 780
 AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCATTGACC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT 840
 10 TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTCTCTA TCGGTAACGG 900
 TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGACTTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT gCGATGATAG 960
 TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGTC AATGAAAAAA GTACACCAAC 1020
 15 AATCTGCAAA GGTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT 1080
 TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT 1140
 20 AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC 1200
 TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG 1260
 GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTATGGAC 1320
 25 AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA 1380
 TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTCTTTAG TTCATGAAAT 1440
 CATTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT 1500
 30 TGCTTTTAT AAATGTCTAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA 1560
 CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG 1620
 TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT 1680
 35 GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTTGG 1740
 GAATGGGAAT TTATGGTTTC GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC 1800
 40 GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT 1860
 GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT 1920
 TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG 1980
 45 GGTTTGGGGC GCGGTTGGA TTAACAACT CCGTGTATTA GATTTGCTG GAGGTACGGT 2040
 TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA 2100
 CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT 2160
 50 GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT 2220
 GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTGAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT 2280
 55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGTTGTC	ATTACTCTGT	CAGCAGGATA	TGTAACATAT	CTTAGTGCAA	CAATAATGGC	2400
	TTTAATAGGA	GGTATCTGTT	GTTATATTGT	CATTAATTAC	ATCAAGGTAA	AACTAAAATA	2460
5	TCATGATGCA	TTAGATGCAT	TTGGTATTCA	TGGTGTGGT	GGTATTATTG	GTGCTGTTTT	2520
	AACAGCAGTT	TTCCAAAGTA	AAAAAGCCAA	TCCTGACATT	GAGAATGGCT	TTATTTTATAC	2580
	TGGTGACATA	CATATTATAC	TTGTACAAAT	ATTATGTGTA	ACAGCAGTTG	TAATTTTTAG	2640
10	TATAGTCATG	ACGTTTATTA	TTGCGAAAGT	AATTAAAATa	ATTACACCAT	TATCTGTTAC	2700
	GGAACAAGAA	ACGAATATAG	GATTAGACAA	GATTGTTCaC	GGTGAACATG	CTTACTTTGA	2760
15	AGGTGAGCTA	AATAGATTCA	ATAAACATAT	TCGATATTAG	AATATATTTA	CATAGAATAT	2820
	TCATTGTCCT	GACATTTAAC	TAAAGGTTGA	TGTTGGGACA	TTTTGTTATA	CAAAAGTTTT	2880
	ATTTTGAAAT	CTTTTATGA	AAGAAGCAGA	AATATTATTT	AAAGCGGTTA	CACATATGCT	2940
20	AAAATAAGGC	TAAGTGTCAC	AAATAATGAT	AGGTGAATAA	GTATGAAAAA	TATATCTGAT	3000
	ATTGCCAAAT	TGGCAGGCGT	TTCAAAAAGT	ACAGTATCTA	GATTTTTTAA	TAATGGATCT	3060
	GTCAGTAAAA	AAACAAGTGA	AAAATTAACA	AGAATTATAG	CAGAACATGA	CTATCAACCG	3120
25	AATCAATTTG	CTCAAAGTTT	AAGAGCGAGA				3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3719 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

	GTTATAGTGA	AATTGACTCA	TCACATTTCA	CAGACCGTGA	CAAACGCGTT	ATTAGACGTG	60
40	ATCATGTTAA	AGAAGCACAA	AGCTTAGTAG	AGAACTATAA	AGATACACAA	AGTGCTGATG	120
	CTAGGATGAA	AGCCAAACAA	AAAGTTAACA	CATTAAGCAA	ACCGCATCAA	AACTATTTCA	180
	ATAAACAAAT	TGATAAGGTT	TATAATGGAT	TACAACGCTA	ATCCAAAGTA	AATTATAAGT	240
45	TATACATCTC	GTTTTTAAAT	GACAATTTAT	CCCCGTAAAT	ATTATAAATA	ATCTTTTCAA	300
	ATTCCACATA	GATATAGAGA	CACTAATAAA	CCTCTTTGTC	TCGATATGAT	AGTCTGCAAC	360
	GATTCATGTT	GTAGGCTTTT	TAATTTTACA	AATAAGGCTA	AATATATAAG	TTCTGGCACC	420
50	TAAATATAG	AAAATACATA	AAAGTAAGTA	TAGTTATTTT	ATTATAATTA	TAAATTTTTT	480
	ATTAATTAAT	TGTA AAAATG	TATAATTATA	ATTAATTAAC	GTTTAATATT	AAAATTAACT	540

EP 0 786 519 A2

	ATCGTTTCAA	TATTACTTAT	AGGGATGGCT	ATCAGTAATG	TTTCGAAAGG	GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT	TCTATTTTCG	TACTAGTTGT	TTAGTGTTAa	CTTTAGTTGT	AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT	CAGCAAATGC	ATCACAAACA	GATAATGGCG	TAAATAGAAG	TGGTTC TGAA	780
	GATCCAACAG	TATATAGTGC	AcTTnCAACT	AAAAAATTAC	ATAAAGAACC	TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA	TTGATGGTGA	TACGGTTAAA	TTAATGTACA	AAGGTCAACC	AATGACATTC	900
	AGACTATTAT	TGGTTGATAC	ACCTGAAACA	AAGCATCCTA	AAAAAGGTGT	AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG	CAAGTGCATT	TACGAAAAAA	ATGGTAGAAA	ATGCAAAGAA	AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA	AAGGTCAAAG	AACTGATAAA	TATGGACGTG	GCTTAGCGTA	TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA	TGGTAAACGA	AGCTTTAGTT	CGTCAAGGCT	TGGCTAAAGT	TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA	ACAATACACA	TGAACAACCT	TTAAGAAAAA	GTGAAGCACA	AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA	ATATTTGGAG	CGAAGACAAC	GCTGATTCAG	GTCAATAATG	CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT	GCTGCTAGTG	GCACTTTTAT	AATTTTTAGA	TCACGATATG	ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT	TAAAAAAGTA	AATAGTATCA	AAAGTAAGTG	TATTTAATAT	TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA	TTTAGTATTA	AAATGGAATG	TTACTATATA	GTCAATGTG	TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAA	TAATGCTTTA	CTTCTATATT	TAAAAGTGTA	TAATGAAAGT	TAAGTAATAA	1500
30	AGAGCGTGAA	GAAAAATGTG	AGTTATTTAT	ATAGAATATT	CTCCTTTTCA	TTTATGAATT	1560
	TGTTACAAAA	TATTTAGTGC	AAAAGCACGA	cGGAGGTATT	CAATATGaAT	AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT	TAATGCAGAA	AAAGGTTTTG	GTTTCATCGa	AAGAGAAGAT	GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA	CTTCcCAGCA	ATCGCTGAAG	ATGGATACAA	ATCATTAGAA	GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT	CGACATCGTT	GAAGGCGACC	GTGGCGAGCA	AGCTGCAAAC	GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA	ACTTATTCAA	ACAGTCCTTA	CTATAGGGCT	GTTTTTTTAT	GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT	GGTGTGGTAA	AAGCACTAGC	CGTTATTTTT	TTGTCCAATA	AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC	AATATATAAT	GGTTCTAAAA	TAAATCGAAC	TGATGGAAAA	GTTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT	CCGACTTTTG	ATTTTGAATA	TAAAAAAGCG	CCAATACAGA	ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT	TAAAGTCTGT	ATATGGCGAT	AACAAGAAGT	AATGTTAAAC	ACTCAAAATG	2100
	TTTAACAATA	ATAGGATACC	ACATCGCATA	ATATCTTACT	ACTTAATTAA	TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT	TTGTTAATTT	TTTATTAAGA	CTGATTAATT	ATTGAGAATA	TTTATTGTTT	2220
50	TTAAATCTC	ATAATAATTC	AGTAATCTTG	TTTTCATTTA	AAAGGCGAAA	CATTAAAAATA	2280
	ATTAAATAAA	AATATTGCGT	TTAATTTACA	GCGTCAAATA	TACTTATTTT	TAATGCTTTG	2340
55							

EP 0 786 519 A2

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460
 TCCGCTTGTT GTATTAAGAAA AGGTTTGTGA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTC AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTGA ATTAATAATT GGCAGTTAGT 2700
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT 2880
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAACTAAT TTAATATTTT 2940
 GATGAAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC 3000
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTGGCC 3240
 ACTTGCAATA TTAATTTTAA AAGATTCGAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300
 CTCAATTGTG AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480
 GAATAATATA AGTAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA 3540
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTTCATT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

EP 0 786 519 A2

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTAA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180
ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240
5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300
ATTTGTCCAT TCAGGTATTG TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360
TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTT 420
10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTTAAATGT 480
ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540
15 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600
TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660
TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC 720
20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780
TAAACGTCCT GATTGTGAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840
ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900
25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATGaCTTACG 960
TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020
TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080
30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCATT 1140
TGATTTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200
CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260
TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320
ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380
40 CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440
TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500
GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560
45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAATT 1620
CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1294 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCGGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGC ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTCATAC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTTCG TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATaAAAA TATnAACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTGTt TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

50 (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

	ACATGATAAT	GATGACGCTA	TTAAACACG	TTTTTTATT	TTCATTGTTA	TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT	GATATTTGTT	GATATGTATC	GACATGTGAA	TAATATCACA	AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT	AACTATTTAT	TAAATGATTT	TGTTAATATT	ATTAAATACT	TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT	GTGTGTACAA	AGTCATTAAT	TTAGCAAATA	TTTTTATTTA	GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT	TGAAATTTAT	ATATAATTAT	TAGCTAAATA	ATATCCTGCA	TCTTTCTCAT	300
10	ACAAATTTACT	ATAAAATagC	ATATCCGATA	TCAGCGTTAA	TAAGATCGTT	GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT	ATAGAACGAA	ATCAAATAAC	ACACTACTTT	CTGCATTTTA	AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA	ATTATGTTTA	nATAAATATA	TATACTACTT	TGAAAGGTGT	GAGCTTAATG	480
	ACAACCTTTT	GTGAAAAAGA	AAAAATTCAA	TTACTAGCAG	ATATTGTTGA	ACTACAAACT	540
	GAAAATAATA	ATGAAATAGA	CGTTTGTAAT	TATTTAACAG	ATTTATTCGA	CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG	AAATTTTGAA	AGTTAATGAA	CACCGCGCCA	ATATCGTTGC	AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC	CTATACTCGC	ATTGAGTGGT	CATATGGATG	TTGTTGATGC	AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT	CATATCCCCC	TTTTCAACTG	ACAGAAAAAG	ATGGCAAATT	ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG	ATATGAAAGG	CGGTTTAATG	GCTTTGGTCG	TATCTCTAAT	CGAATTAATA	840
	GAACAAAATG	AATTGCCTCA	TGGAACGATT	AGATTACTGG	CTACTGCTGG	CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG	GTGCCAAATT	ATTAGCTGAT	AAAGGCTATT	TAGACGATGT	CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG	AACCAACTGG	ATCTGGAATT	TATTATGCAC	ATAAGGGGTC	TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG	CAACTGGTAA	AGCTGTCCAT	AGCTCAGTTC	CATTTATTGG	TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC	TGCTTGAATT	TTATAATCTA	TTTAAAGAAA	AATATTCAGA	GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA	AACATGAATT	AGATGTTGCG	CCTATGTTCA	AATCATTGAT	TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG	AGGATGCAAA	TTATGCATCT	GGTCTTACAG	CTGTATGTTT	GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC	AATTTAACTC	TGTACCAGAT	GAAGCTTCAC	TTGAATTTAA	CGTAAGACCA	1320
	GTTCTTGAGT	ATGATAACGA	CTTTATAGAA	TCGTTTTTCC	AAAATATCAT	TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA	AGCTTTCACT	CGATATTCCA	AGCAATCACC	GACCTGTAAC	AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT	TAATTACTAC	GATTAAAGAT	GTAGCTTCTA	GTTATGTAGA	ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT	CAGCGCTTGT	AGGCGCAACA	GATGCCTCTA	GTTTCTTAGG	AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG	ATTTAGCCAT	TTTTGGACCA	GGTAATCCAT	TAATGGCACA	TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG	AAAAAGATAT	GTATCTGAAA	TATATTGATA	TTTTTAAAGA	GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA	AAGAAAAATA	AGAACGATGC	TGTCAGCTGC	CCTATTCGCG	TGCTGGCAGT	1740

EP 0 786 519 A2

	TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT	1860
	GATTTGTGCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT	1920
5	AAACTCGTAA AAnCC	1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1351 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEO ID NO: 348:

	CCTTnCCtA	AACAATTTTT	AGATTTAGAC	AACAAACCGA	TTTAAATCCA	TACATTAGAA	60
20	AnATTTATTT	TAATTAATGA	TTTTGAAAAA	ATTATTATCG	CGACGCCAcn	ACAATGGATG	120
	ACGCATACGA	AAGATACACT	TAGAAAATTC	AAAATTTCTG	ATGAAAGAAT	TGAAGTCATT	180
	CAAGGTGGTA	GCGATCGTAA	CGATACAATT	ATGAATATCG	TTAAACATAT	TGAATCAACA	240
25	AATGGTATTA	ACGATGACGA	TGTcATTGTG	ACACATGATG	CAGTTAGACC	ATTTTTAAcG	300
	CATCGTATTA	TTAAAGAAAA	TATTCaAGCT	GCTTTAGAGT	ACGGTGCAGT	AGATACAGTG	360
	ATTGATGCTA	TAGATACGAT	TGTTACATCT	AAAGATAATC	AAACGATTGA	TGCAATTCCA	420
30	GtGCGTAATG	AAATGTACCA	AGGTCAaACA	CCTCAATCGT	TTAATATTaA	TTTATTAAAA	480
	GAAaAGCTATG	CACAGTTGAG	TGATGAGCAA	AAGAGTATTT	TATCTGATGC	TTGTAAGATT	540
35	ATTGTAGAAA	CAAACAAACC	GGTTCGACTT	GTAAAAGGTG	AGTTATATAA	CATTAAAGTA	600
	ACAACACCTT	ACGATTTAAA	AGTAGCGAAT	GCTATTATTC	GAGGTGGTAT	TGCCGATGAT	660
	TAATCAAGTA	TATCAATTAG	TTGCACCTAG	ACAATTTGAA	GTTACGTATA	ACAACGTAGA	720
40	TATTTACAGT	GACTATGTCA	TTGTACGTCC	TTTATATATG	TCAATTTGTG	CTGCCGATCA	780
	AAGATATTAT	ACTGGTAGCC	GTGATGAGAA	TGTCTTATCT	CAGAAATTGC	CAATGTCTTT	840
	AAITCATGAA	GGTGTTGGTG	AGGTCGTATT	TGACAGTAAA	GGTGTGTTTA	ATAAAGGTAC	900
45	AAAAGTAGTT	ATGGTACCGA	ATACGCCGAC	AGAAAAAGAC	GATGTCATTG	CTGAAAACtA	960
	TTTAAAAATCG	AGCTACTTCA	GATCAAGTGG	ACATGATGGG	TTTATGCAAG	ATTTTGTGTT	1020
50	GCTAAATCAT	GATAGAGCTG	TACCACTACC	TGATGATATT	GATTTAAGTA	TTATTTTCATA	1080
	TACAGAGCTT	GTAACAGTAA	GTTTGcATGC	TATTCGTCTG	TTTGAAAAGA	AATCTATTTC	1140
	AAATAaAAAT	ACATTTGGTA	TTTGGGGTGA	TGGTAACtTA	ggTTACATTA	CAGCCATTTT	1200
55							

EP 0 786 519 A2

GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1639 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTA AAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTA CTTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

EP 0 786 519 A2

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTATTATCAG 780
10 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTCGAAAT TCCCGTATGA 1200
TGGGGTTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAG AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
25 ATTTGGCATT CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTC 1620
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40 (A) LENGTH: 1816 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
AGTAATCCAT ACTGATTGTG TGTACATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAGATAT 240
55

EP 0 786 519 A2

TTCTyTATTT GTAAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360
 AATThAThAA TTAGGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660
 CTACTTTTTC AAACCTCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAAGTTG 1020
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACCTT 1080
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTtagTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320
 ATATATATAA AATTTAGGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440
 TGGCTACAAG CATTATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT 1560
 40 TGCTTAGGCT TTATTGTGTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620
 TTTTTTTGAG CCTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680
 45 TTAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740
 TGCTTTTTTG TAATTGCTC ACTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9956 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 55 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT AACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTGCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTCACGGGCT ATATTGAGAC CCACGCATTc ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAc CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCC GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAACTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620
55		

EP 0 786 519 A2

	TTTCAGCTTC	GATTTACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCAG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACCTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTAA	CGCTCATTAA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTGCGCA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTTCGcg	TGtTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATTC	AATGATTTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA	TTTGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTAA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGTTC	2940
40	TATTTTGTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTCAT	3060
	CAATTTAAAT	GTGTAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTTCAT	3120
45	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCG	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TTCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGCGCTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

1234

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTG	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTTAAAT	ACATTTTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAACATA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGTA	GTCTTCCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACTTTGcTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
30	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTCAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTCG	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTCGCAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACTT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT	ACACCCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTTGAC	TCATCGTAGA	5220
55							

EP 0 786 519 A2

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTC GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAAATA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
30	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCACTGT	6240
	TCTCTTTAAG CGTGTCTCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTATTTCGT TTTAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATG ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTTT ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATTA	6720
	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATT CACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTT TAGTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTA AATCATCAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

EP 0 786 519 A2

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAACTATC ACACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACCTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTGTGTTA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAAATT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

EP 0 786 519 A2

ACTTCAATTT ATTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCATTTTA GTTTTATATG TTAAGGTATG TGCATTTATT CTAAGTATG TTTTGTGTTT 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TTAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAT 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTAAAAATTA GCTTTAAAAg ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTCGAATTA ATACTTTTTT TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTATGC 9720
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 30 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATTC TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CGGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180
 ATTTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300
 55

55

EP 0 786 519 A2

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCCA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TTnnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GCGGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 35 TGGTGTGTGA TTTAAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAACGAAC TAGGATTTAA 60

55

EP 0 786 519 A2

	ACAATTAGAC	ACTGAACATT	TAGCTGATTT	AAATCCAGAG	CGTATGATCA	TTATGACAGA	180
	TCATGCTAAA	AAAGATTCTG	CTGAATTCAA	GAAGTTACAA	GAAGATGCAA	CATGGAAAAA	240
5	GTTGAATGCA	GTAAAAATA	ATCGCGTGGA	TATTGTTGAC	CGTGATGTTT	GGGCAAGATC	300
	TCGTGGCTTA	ATTTCTTCTG	AAGAAATGGC	TAAAGAACTT	GTTGAATTAT	CAAAAAAAGA	360
	ACAAAAGTAA	GGTGAAGTA	AATGGCTATA	AAAGAAATAA	GTAGCCAATC	TGCCATAGAT	420
10	CATAAAAGAA	AAAGACGCAC	AACACTCACG	TATATAGTGA	GTTTGTGCTT	TCTTTTATT	480
	TGTATATATT	TAAATATGGC	GATTGGTTCT	TCGAAAATTA	ATTTTAGCGA	TATCATTCAC	540
	TATGTTACTG	GTCATACAGA	TACGAAAGCA	ACGTTTTTAT	TGCATAATGT	ACGTATGCCA	600
15	AGGATGATTG	CAGGGTTATT	TATTGGCGGT	GCATTAGCGG	TATCTGGTTT	GTTAATGCAA	660
	GCAATGAC						668

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

	ATACAAAAAA	ACATATCGAA	AATAAAGCTA	AAAGAAACTA	TCAAGTTCCA	TATTCAATTA	60
	ATTTAAATGG	TACATCTACA	AACATTTTAT	CGAATCTTTC	ATTTTCAAAT	AAACCTTGGA	120
35	CAAATTACAA	AAATTTAACT	AGTCAAATAA	AATCAGTACT	GAAGCATGAT	AGAGGTATTA	180
	GTGAACAAGA	TTTAAATAT	GCTAAGAAAG	CTTATTATAC	TGTTTATTTT	AAAAATGGTG	240
	GTAAAAGAAT	CTTACAGTTG	AATTCAAAAA	ATTACACAGC	AAACTTAGTT	CATGCGAAAG	300
40	ATGTTAAGAG	AATTGAAATT	ACTGTTAAAA	CAGGAACTAA	AGCGAAAGCA	GACAGATATG	360
	TACCATACAC	AATTGCAGTA	AATGGCACAT	CAACACCAAT	TTTATCAAAA	CTTAAATTTT	420
	CGAATAAACA	ATTAATTAGT	TACAAATATT	TAAATGACAA	AGTGAAATCT	GTATTAAAAA	480
45	GTGAAAGAGG	CATCAGTGAT	CTTGACTTAA	AATTTGCGAA	ACAAGCAAAA	TATACAGTAT	540
	ATTTCAAAAA	TGGAAGAGAA	CAAGTAGTGA	ATTTAAAAATC	AGACATCTTT	ACACCTAATT	600
	TATTTAGTGC	CAAAGATATT	AAAAAGATTG	ATATTGATGT	AAAACAATAC	ACTAAATCAA	660
50	AAAAAAATAA	ATAAATCTAA	TAATGTGAAA	TTCCAGTAA	CAATAAATAA	ATTTGAAAAC	720
	ATAGTTTCAA	ATGAATTTGT	GTTCTATAAT	GCAAGCAAAA	TTACmATTAA	TGaTTTAAGT	780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

5

- (A) LENGTH: 534 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

10

AAAGTAAAAA	TAAATCTCCC	TTTTTAACTT	TCGTTTCTGC	CATAGCCATT	GCTTCTTCTG	60
TGATAGTTGC	TACAAATATCT	TTTCTTTCAC	GGTAAAAATG	TTCAACTTGT	TCTGCTAAAA	120
ATGCAGCTTC	TTCTTCGACG	TCAGTCATCA	ACAATTCGCa	AGCTAATGAT	GCGTCATCTA	180
AACGACCTAC	AGCATTAAGT	CTAGGTCCAA	TAATAAAACC	AATTGTTTCT	TCATCAATAT	240
TGTCATTGTA	TCCCGCTTCT	TTTAGCAATG	CTTTAACAGA	GGTCGGACAT	TGATCATTTA	300
AGACTTTTAA	TCCTTGTTtC	ACTAATGATC	GATTTTCATC	AGTTAAGGAT	ACTAAATCCG	360
CAATGGTACC	TATCGCAACT	AATGCTTTAA	AATAATCAGG	TACATTTtCA	ATCAATGCTT	420
GTGCTAATTT	GTATGCAACA	CCTGCACCAC	ACAATTGTTG	GAACGGATAA	TTAAACGATG	480
GATGCATTGG	ATGTACGATT	GCATATGCTT	CTGGTAATGT	ACTACCAATT	TCAT	534

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

30

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA	ATTA AATGAA	TCTAATAAGT	CATAACTATC	TATTTGTAAT	GTGCAACGCT	60
TAACGCATAT	ACAAAATGAA	TGTGCTGATA	ATGATTTACT	CAAATTAAAA	GGTGATTTTT	120
ATTCAATGAT	GAATGAAAGT	TGCCTTTTTA	TTTTTGGTAA	AAGTTAATGC	GTCAGTGAAT	180
TGTGTAAGTT	TTTCAAAAAG	TAAAAAGAAA	TAATAAAGGT	GAATTATTAG	AATTCCTAAA	240
ATAATTCATT	ACATTCATAA	AGCATTTTAC	AAATGGTAAG	AAAATGAGTG	TTACAAATCT	300
AAATATTGCA	AAAGAAGCTG	ATTTAGTCAC	AAAAAATGTC	CTATGTAATA	ATTCGAGAAA	360
GATGCACTAT	ATACGGTCTT	CTTACTATTG	AAATGTAAAA	GTTGCTTATT	TGCGTGGCTT	420
TTTGTTTTAT	AAAAGTATAA	AATTTTACTA	TAATATATCT	TGTAGAGAAC	AATGAAATGA	480

EP 0 786 519 A2

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAAACA	GATGACTGAA	GAATTCATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
10	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCTG	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCGTAG	TAAGATTGGC	AACTTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATGTCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
45	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTTAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGcGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAG	2100
50	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
55	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

EP 0 786 519 A2

	AAATTAGAGC	GCAGGCAGAA	ATCGCCATAG	ATGAAGCGGA	TGTTATTATT	TTTATGGTTA	2400
	ACGTGCGTGA	AGGATTGACA	CAAAGCGATG	AAATGGTCGC	TCAAATTTTA	TACAAATCTA	2460
5	AAAAACCGGT	CGTATTAGCG	GTTAACAAAG	TAGATAATAT	GGAAATGCGT	ACAGACGTGT	2520
	ATGATTTCTA	TTCATTAGGA	TTTGGTGAAC	CGTATCCGAT	ATCAGGGTCA	CATGGTTTAG	2580
	GTCTTGGTGA	CTTGTTAGAT	GCAGTTGTTT	CTCATTTTGG	TGAAGAGGAA	GAAGATCCTT	2640
10	ATGATGAAGA	TACAATTCGA	CTATCCATTA	TTGGACGACC	AAACGTAGGT	AAATCAAGTT	2700
	TAGTAAATGC	TATTTTAGGT	GAAGATCGCG	TTATCGTTTC	TAATGTTGCA	GGGACAACGA	2760
	GAGACGCTAT	TGATACAGAG	TATAGTTATG	ATGGACAAGA	TTATGTTTTA	ATCGATACTG	2820
15	CTGGTATGCG	TAAAAAAGGA	AAAGTATATG	AATCAACTGA	GAAATATTCA	GTATTAAGAG	2880
	CTTTAAAAGC	GATTGAACGT	TCAAATGTTG	TTTTAGTGGT	CATAGATGCA	GAACAAGGCA	2940
20	TCATTGAACA	AGATAAACGT	GTTGCAGGAT	ATGCACATGA	ACAAGGTAAA	GCAGTCGTGA	3000
	TTGTCGTAAA	TAAATGGGAT	ACTGTGGAAA	AAGATAGTAA	AACGATGAAG	AAATTTGAAG	3060
	ATGAAGTACG	TAAAGAATTC	CaATTTTTAG	ATTATGCACA	AATTGCTTTT	GTGTCTGCTA	3120
25	AAGAACGCAC	AAGATTACGT	ACATTATTCC	CTTACATCAA	TGAAGCAAGT	GAAAACCATA	3180
	AAAAACGTGT	TCAAAGTTCA	ACTTTAAATG	AAGTTGTTAC	TGATGCAATT	TCCATGAACC	3240
	CTACACCAAC	AGACAAAGGT	AGACGTTTGA	ATGTCTTTTA	TGCAACACAA	GTTGCTATAG	3300
30	AACCACCAC	ATTTGTTGTA	TTTGTTAATG	ATGTAGAATT	AATGcATTTT	TCTTATAAAC	3360
	GCTATTTAGA	GAATCAAATC	CGTGCCGCTT	TTGGTTTTGA	AGkTACACCA	ATTCATATTA	3420
35	TAGCTCGAAA	GAGAAATTAA	CGATTGGGGG	ATAACAATGA	CTAAAATTAC	CGTTTTTGGT	3480
	ATGGGAAGTT	TTGGGACAGC	CCTTGCCAAT	GTTCTTGCAG	AAAATGGACA	TGATGTTTTG	3540
	ATGTGGGGTA	AAAATCAAGA	TGCTGTTGAT	GAATTAAATA	CATGTCATAC	AAATAAAAAG	3600
40	TATTTAAAAT	ACGCGAAATT	A				3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

EP 0 786 519 A2

AATGCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTGTC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180
ATGGCATTG TTAGTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAAACT TGGTACTGAT 240
5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300
AATAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360
ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420
10 GATGCACCAC CGATATTAA CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480
ATCACTTGTC GTGTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540
15 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600
ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTC AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2524 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTAT CGTGCAAAGT 60
30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120
GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180
35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240
AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTCG AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300
CCGATGTCGT AAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360
40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420
ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480
AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTAAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540
45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600
AACATTTAAA GCTTGTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660
AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC 720
50 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780
TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

55

EP 0 786 519 A2

GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG 960
 ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTtATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG 1020
 5 ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGcAC 1080
 TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAACTT AGATTTATTC ATTGTTACAA 1140
 TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA 1200
 10 TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC 1260
 GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG 1320
 15 ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT 1380
 ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG 1440
 TTAGTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG 1500
 20 ACCTTGGTGG ATtGATTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT 1560
 TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG 1620
 TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA 1680
 25 AAAGTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC 1740
 CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTGGA TTAAAATACC 1800
 GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA 1860
 30 CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC 1920
 TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTtagT ACCATCTCGT GTTCATGATG 1980
 35 GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTtAA GCAATTATTG ATGATTAGTG 2040
 GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC 2100
 GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA 2160
 40 TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA 2220
 ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC 2280
 CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT 2340
 45 TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG 2400
 GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGTaAACaTC 2460
 ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA 2520
 50 ATGG 2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1507 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAAT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTC AATA GAATGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGATAA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAACCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC GGATGCTACT TTATTTAGTT TGAAGGGTGC ATTATGGACG TTAGCGCAAG 60
AAGTTTATCA AGAATGGTAT TTAGGATCGA AGTTGTATGA AGATGTTGAA AAGAAAATAG 120
CACGAACTAC TTTTAAGACA GGTATATTTT ATCAAGAAAT TATTTTGAGA CCAGTAGATG 180
AAGTTAAGGT ACTTCTGAAT GATTTAAAAG GTGCTGGTTT CGAATTAGGT ATTGCAACAG 240
GTCGTCCTTA TACTGAGACT GTTGTGCCAT TTGAAAATTT AGGATTGTTA CCATATTTTG 300
AAGCTGATTT TATTGCAACA GCAAGTGATG TTTTAGAAGC AGAGAATATG TATCCGCAAG 360
CACGACCATT AGGAAAGCCG AATCCTTTTA GTTATATCGC AGCTTTTATAT GGTAAATAATC 420
GCGATAAATA TGAATCTTAT ATCAATAAGC AAGATAACAT TGTAATAAAA GATGACGTAT 480
TTATAGTAGG CGATTTCGTTA GCTGACTTAT TAAGTGCTCA AAAAATAGGT GCAACGTTTA 540
TTGGAACATT AACAGGTTTA AAAGGTAAGG ATGCTGCAGG TGAGTTAGAA GCGCATCATG 600
CCGACTATGT TATTAATCAT TTAGGTGAAC TTAGAGGTGT ACTAGATAAT TTGTAATTTG 660
ATTGTTGTTT GACAGCATAA CTTGTAGTGA ATGATTGAAC CAAAGGTTTC ATATTGAGTT 720
ACAATGAAAT TAATAATGAA AAAATGCCAA GAAGCAATGG AAGTAATCCA ATGTCTTCTT 780
GGCATTTTGA ATTTACATAA ATTGTTTATG ACTGTACCGT CAATTCAGTT GTGAAAATTT 840
GATTGTATTC ACCAACTTGT TTAAGTTCAT CAATTATATT GTTTGAAACA GGTTGATCAA 900
CGGATAAAAT CATTAGCGCA TCTCCGCCCG CTTGAGTTCT ACCTAAAGTC ATAGATGCAA 960
TGTTGATATT GTATTTACCT AACAATGCGC CAGTTTTTCC TACCATACCT GGAGTATCAT 1020
TATGATATGA CACAATTTGA TATTGATTTG GCTTTAAGTC TACAGAAAAA TTATTAATTC 1080
TAACAATTCT TGGACCGAAA CCTGTAAAGA CAGAAGCGCC AACTTTAACG GAATCGCAT 1140
CGTTGATAG TTCTACCTCT AAGTAGTTAC TAAACCTGT CTCTGCTTTA TTATTTTCAA 1200
TATTTAATGT CACTTG 1216

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCACT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTAAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGATAGTCA ATTTTGTAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGCACA TGGAGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTAA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATTG GCAATACGGG TGTAAAGACG ACGTTGTTTT	540
25	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAATAA GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTAA TAAGTCCAAC TATTGTCTAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAAGTATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAA AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 10813 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TTTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACTTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

EP 0 786 519 A2

	CAATCGCATG	CCGCAGTTAA	TTATTATAGT	AAAAACCAAT	GTACATGGTG	GGCATTTTAAA	420
	CGTCGCGCAC	AAGTCGGTAA	ACCTGTTTCT	AATAGATGGG	GCAATGCTAA	AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC	GTAAATCAAA	ATATGCGACT	GGTCGTACAC	CAAGAAAATT	TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG	CAGGATATTA	TGGACATGTC	GCAGTTGTTG	AACAAGTATA	TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG	TTTCAGAATA	CAACTTTTAT	CGCCCATTA	AATACAATAC	ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG	CAGCACGTAA	CTTTAACTAT	ATTTACTAAT	CAAAAACTT	CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT	TCCTGTATGC	GTGTGATAGA	AGTTTTTATT	TTATGAAATT	ATATTATTAC	780
	TTCTACAAAT	TTCAAATTGC	CGTAATTGAA	CGTATATTTT	TTCTTCAACT	ATTATTTTCAT	840
15	CTTTAGCATA	ATCTATATAT	AAAATTTTAT	GCTATTATTT	AAATAATTTCG	CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT	TCGATATAAA	CCTTGTCTA	AATCTCAATA	ATTTTTTGCT	GTTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA	AAAAAATAAT	TTAACTGAGT	TTTTGAGACC	TGTTTAAATT	GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC	CCCTTTTCAC	TCGGTTTAAT	TGCTTTAATA	TTAACACAG	TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC	TAAGTTTGAA	ATATTTTCGAT	TCGAATGTGA	ACATCATTTA	TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG	AAAAATATTG	TTAAACCAAA	ACTATAATTA	CCACTTTTAT	ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT	TAACTTTGAG	ACAGAACTGC	TAGTCAGGTT	TATGAATATA	TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA	TACTTATTGG	TAAATCATTa	TTTATTTGAA	GAGCATTTAT	AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG	TTATAGCGAT	TCCATGACCA	TTTTTATCAG	TCAAAGATTC	ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTGTGAT	AAATTTATAT	ATTTGTATAA	TTTATTATGG	TAGATATCTA	CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT	ACAGTTATCA	TTGCGTCTTA	TCCAAATAGT	TTTAAAGAAA	TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT	CATGGCTATT	TGTAACGTCA	GtGCTTaAGA	CCTTGTCAAT	TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA	AGAGCCCCTG	ATTTTCTGCA	TACATATTTT	GTATATCGCT	GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT	TAAATTTTTT	TCTAACCTTT	TTCAAAATAA	AATGCTCTTT	AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA	TATAAATCTC	TATTATAATC	TCCATAAATG	TCATATCTCC	TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC	TCAATATATT	AAAAATAAGA	AAGGTTTTTT	CAGAATTTTT	AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT	CTTAAGTATC	TTATTATTAC	TTCTTTTTTAA	CGCTAGTGGA	ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT	TTAAATGCAA	TGCTGTGTGTT	CTTTCATACT	TACAAGCAAG	TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA	AATTCTTATA	TGATGAATAA	ATGATGACTG	CAGAAGAAAT	TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT	GAGGCATTCT	ACTGTTTCATA	TTGTTAACAA	ATATCAAAAT	GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT	AAGACTGTTA	AAATCGAGAC	AAGAAGAAAC	TCGTTCCAAA	TTTGAATCCT	2100
55							

1250

EP 0 786 519 A2

CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG 4020
 AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA 4080
 5 AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG 4140
 AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG 4200
 10 CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA 4260
 ATTCAGGCCG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC 4320
 CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT 4380
 15 GCGCTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA 4440
 TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG 4500
 ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT 4560
 20 CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG 4620
 CTGTAGATTA TAACGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA 4680
 TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG 4740
 25 GCTCAGGTTC AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT 4800
 TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT 4860
 ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC 4920
 30 ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCGT GAATATCACA 4980
 GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTA AACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC 5040
 35 CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTA CTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA 5100
 ATTCATTATG CCTATTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG 5160
 TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC 5220
 40 TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTTACC 5280
 GACAAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC 5340
 CGCTTGGGCT GACATTTTTC GCTTGTTAAG CAGCTTGCTT ACTTTTTTGG CAATAGCACC 5400
 45 ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA 5460
 ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC 5520
 GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC 5580
 50 ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAAACAGC GGTGAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC 5640
 CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTC 5700
 55

EP 0 786 519 A2

	ATAAGTCGTC	AATTACGTAT	ATAAACACGT	AATACCAGCT	ATCACTTTGC	TGCAATATAC	5820
	AGTTACATAT	CTTACTACAC	GTGCTAACCT	CTTACTTTGT	AAACCAAATC	TTAAATTAAA	5880
5	ATATTGAAAA	TGCAATGAAT	CCTTAATATT	TTATTAAACC	TATAATTACT	TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT	ATTCATAAAG	TTTTAAAAAT	ATTCTGTTTT	ATCACCTACT	ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT	GCAATTGTAT	ATAGTTTGCA	TAACGCTTCA	AAAGTAATTT	CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA	AAATTTAGAG	GTGATGTTAT	ATGAATAACG	GTTTTTTCAA	TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT	TTGGAAGAAT	GATGAAAGAT	ATGCAAGGTT	CAAATCAAGT	CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA	TTAATGGTAA	AGAAGTTTCA	CCTGAAGAAC	TAGCGCAACT	CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC	ACTCTGCTGA	ACAAAGTGCG	CAAgcTTTTC	AACAAGCAGC	ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC	AAGGTGGCAA	CGGCAATTAT	TTAGAACAAA	TTGGTCGTAA	CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG	ACGGTTTATT	AGATCCAGTC	ATTGGTCGTG	ATAAAGAAAT	TCAAGAAACT	6420
	GCTGAAGTTT	TAAGTAGACG	AACTAAAAAC	AATCCTATAT	TAGTTGGAGA	AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG	CGATTGTTGA	AGGTTTAGCA	CAGGCAATCG	TTGAAGGAAA	TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG	ACAAAGAAAT	TATTTCTGTA	GACATTTTCA	CATTAGAAGC	TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG	CTTTTGAAGA	AAATATTCAA	AAATTAATCG	AAGGTGTTAA	ATCTTCACAA	6660
30	AATGCCGTAC	TATTCTTTGA	TGAAATCCAT	CAAATTATCG	G TTCAGGTGC	CACAGGAAGT	6720
	GATTTCAGGT	GCAAAGGGTT	ATCTGATATT	TTGAAACCTG	CATTAAGTCG	TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG	GTGCAACAAC	ACAAGATGAA	TATCGAAACA	ATATTCTTAA	AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA	GATTTAATGA	AGTGCTTGTT	AATGAACCAA	GCGCTAAAGA	TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG	GTATTCGCGA	AAAATTCGAA	GAACACCATC	AAGTAAAATT	ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG	CATGTGTTGA	CTTATCAATT	CAATATATTC	CACAACGATT	ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG	ATGTGTTAGA	TATTACAGCA	GCACATTAT	CTGCGCAAAG	TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG	AAACTGAAAA	ACGAATTTCT	GAATTAGAAA	ATGATAAACG	TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG	AATATAAAAA	AGCTGACGAC	ATTCAAAATG	AAATCAAATC	ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA	ATAGTAATGG	TGAACATACT	GCTGTTGCTA	CAGTTCATGA	TATTTTCAGAT	7260
	ACTATTCAAC	GATTAACTGG	TATTCCAGTT	TCTCAAATGG	ATGATAACGA	TATTGAACGT	7320
	TTAAAAAATA	TTTCTAATCG	TTTAAGAAGT	AAAATCATAG	GTCAAGATCA	AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC	GTGCAATTGC	CCGTAATCGT	GCTGGGTTTG	ATGACGGCAA	CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC	TATTTGTTGG	CCCTACTGGT	GTTGGTAAAA	CAGAGCTTGC	TAAACAATTA	7500
55							

EP 0 786 519 A2

GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC 7620
 AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTTGAT 7680
 5 GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT 7740
 AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA 7800
 TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG 7860
 10 AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCCCTAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT 7920
 TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA 7980
 TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA 8040
 15 GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA 8100
 CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTTAGAT CATACAGACG TTAACATGT GGATATAGAT 8160
 GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC 8220
 AAAAAATGAGC ATCAGGTCGC CCTTGCCTGT GCTCATTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA 8280
 TGATTGCTG TGTGCTGTTT TGTTCACAA CAATCACGAT TAATGTCACA TGTACCACAT 8340
 25 TTTCTTGTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT 8400
 GCTAAAAAAA TTAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA 8460
 TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGA TAGAGG ATAGGCAACT 8520
 30 GCAAGTGCCG TCCATTTCCTA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAGAAACA 8580
 CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA 8640
 TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT 8700
 35 ACGATAACTT CTTTTGCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA 8760
 AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATACCAAAG AAATACCAA CCATATGTAA AAACTTTGA 8820
 TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCTT ACATAACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG 8880
 40 CCGCCAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA 8940
 CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA 9000
 45 TTATCATTTT TTAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA 9060
 CCTAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG 9120
 AACACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT 9180
 50 GTTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA 9240
 CCAATCCGA TAATCATTTG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA 9300
 55

EP 0 786 519 A2

AAAAAGAGCA CAACAATTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG 9420
 CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC 9480
 5 ACACATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA 9540
 ATCCATGTAA ATGTAGTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT 9600
 ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT 9660
 10 GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC 9720
 TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT 9780
 TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTATTTTAA TAAGAATTGA 9840
 15 ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC 9900
 ATATTTTAA TTGTCTCTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC 9960
 20 CCTTCCCCTA GATGCTTAT TCGCCAAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC 10020
 ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTATC 10080
 CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT 10140
 25 AACAAATGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG 10200
 ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCAC TA CAGTTTCATC TTTAGAAATC 10260
 GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC 10320
 30 CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT 10380
 AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC 10440
 ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA 10500
 35 ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG 10560
 TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG 10620
 CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTTA ATGTTTAACA 10680
 40 TACTATTTTC CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA 10740
 AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTTGTGAC 10800
 45 ATTGCAAAAA TGT 10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6804 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGTTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAACTGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
15	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAaACTTA CAAATGAAAC AATTGCACA W CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCA GTTG GCATCAAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GSTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAGcTGTA t TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680
55		

EP 0 786 519 A2

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTGTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCAT GTTTAATTTT TGTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCTGTA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAGGA CATTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTAG AAGTGTACTT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTCTT TGTCTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480
55		

EP 0 786 519 A2

ATTTTGTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600
 CTAATGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660
 5 CATTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960
 15 GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020
 CTAATGAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTAA 4080
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT 4140
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCa 4200
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTGTCTT CATGAAATTT 4320
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380
 GAATGTAGT AATTAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560
 GCCCCTAACA ACTAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTTAGTGT ATCTTGGATA 4680
 35 TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTCTT 4740
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800
 TCCTCCCAA TGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTTGTACT TTCGTTAAAC 4860
 40 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTT 4980
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGkcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT 5040
 TAATTAACA ATTAATGGT GTAAAAAAG TTGATACACA TGTTCAATAT GTGTGGGAAT 5100
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTATA GGTAATTTCC 5160
 50 CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280
 55

EP 0 786 519 A2

	TTTTCAATTAT	TCCATTTTACA	ATTCATATAG	GATATATCGT	CTATAAAGAT	GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT	AAAAAATCAT	TTCATGTGGA	TAATTGTGAG	TTATGGTATA	AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT	TGCATTGTAT	GGCAGAATTG	ATGCTAATGA	AATAGAGTCA	ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA	TGCTTTCTTT	ATAATTATGT	GGTTACTTGG	TCAAATGGCT	ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTTCTT	GCGCCGAGCT	TTACCTTTAA	CAAAGCAAGA	ATTAGGTGAA	GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG	AACAAGTAAA	GGGAATGTCA	CGAATCAAAC	TAAAATTCAC	TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA	GACTACAGAA	TATGCACGTA	AGACAAGAAG	AAGTGTCTGAT	TTAGATAAAA	5760
	TTAGAGCTAA	AAGAGATAAA	TTCAAAAAGA	AAGTTAATGA	TATTATCGAT	ATTCAAGAAG	5820
15	ACGATATTCC	TGATTGGATG	AGAAAACCGA	AATGGGTAA	ACCAATGTAT	GTCGAACTAT	5880
	TTTGTGGTGT	CGTCATCTTT	TTATTCACAT	TTTTAGAATT	TAATAATCGT	AATGCATTAT	5940
	TTGTATCTGG	TGATTGGAAA	TTATCACAGA	CACAATATGT	TATTGAATGG	GTTACATTAT	6000
20	TAATTCTGTT	ATTCATTATT	ATCGCATATA	TCGCTACAAC	GTAACTTTC	CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA	TTATTTACAA	TTATTTATGG	GGAGCATTTC	ATTCTTTAAA	TTGTTAACGG	6120
25	AATTTATAAA	TATAATGATT	CATGGACTAT	TACTTTTCAGT	GTTTCATTACG	CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT	ATTGGCAATC	ATCATTTCTT	ATTCGTTACA	ATTACGAGAG	CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT	ATAAAAGTAC	TATCTATTAA	ACATTTTGAT	GTGTACGCTA	TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA	CTTACTTAGA	TACAGGTCAA	TGAAGTTTAT	GGATAGTACT	TTTTTTGTAA	6360
	CTAGATTTGA	TTGATTTCAGG	TGATGTGAAT	TAAGTATTGA	TAAATGTATA	CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA	AATAGTTGAA	AAGTTATCCA	TTTGTA AAAAT	CAAGAAAAC	AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT	TATGGaATTT	GCGAAACGAT	ATATAGTATT	TCCTTTGTAG	AAATTTmACA	6540
	TATATCATTC	AAATTACTAA	TTTGTTAAAA	TCAACAGTAA	GATTAGAAGT	AGATGATATT	6600
40	GAAATTTGGC	AAACaAtTA	ATCTATATAA	AACTACAACG	AAACACAGAA	AGGAAGTTGT	6660
	CAGATGAAAA	TAGCAACTCT	GAACAAAGGC	AAAGAAACAA	AATATTTTAA	TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG	AAGAGGATAT	CTATTCACAA	GATCATTTAA	AAGAAGGAGA	TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG	ATAAATCACA	ATAT				6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366;

5	aaaAGAGACG	CATTaAAACA	AGCTATACAA	ATTATCGATA	AATTAACATG	GGGTGTTTAG	60
	TGGTGGTTAA	AGAAATTTTG	AGACTATTAT	TCTTACTAGC	GATGTATGAG	CTAGGTAAAGT	120
	ATGTAAGTGA	GCAAGTATAT	ATTATGATGA	CGGCTAATGA	TGATGTAGAG	GCGCCAAGTG	180
10	ACTTTGAAAA	AATCAGAGCT	GAAGTTTCAT	GGTAATAGCT	ATTATCATT	TTGAATTAAT	240
	TATATTAATG	TGTGTAGCAA	TAGCACTGGA	GGTGTTGTAA	ATATGTGGAT	TGTCATTTCa	300
	ATTGTTTTAT	CTATATnTTT	ATTGATCTTG	TTAAGTAGCA	TTTCTCATAA	GATGAAAACC	360
15	ATAGAAGCAT	TGGAGTATAT	GAATGCTTAT	CTTTTCAAGC	AGTTAGTAAA	AAATAATGGT	420
	GTTGAAGGTT	TAGAAGATTA	TGAAAATGAA	GTTGAACGAA	TTAGAAAAAG	ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG	CGTTGGCTTC	TCTGCTCTAT	CyAAAATAAT	GAAAGGAGCC	saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA	CTCAAATAGA	AACAATTAaA	TATGATCGTG	ATGTCTCATA	TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT	TATCTACACA	TTGGACTAAT	CACAATATGG	CTTGGTCTGA	CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC	AAACAGTTAG	AACTAAAGAA	GATTTAACTG	AGTACAATAA	AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG	CCGATATAAA	AGATGTTGGC	GGATTTGTCTG	GTGGATATTT	AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG	CTGGTCAAGT	CATGAATCGT	TCAATGCTAA	CACCTGATAT	CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA	TGACTGACAT	ATTATCTATG	TTTTATGATT	TTGCATATTG	TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC	ATAGAGAGAT	AAGTCCAAGA	CTGCGTTTAG	TGATTCCTTT	AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG	ATGAGTATGA	AGCTATTGGG	CGTAAAGTCG	CAGATATCGT	TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG	ATACAACCTA	TCAACCACAT	AGGTTAATGT	ATTGGCCTTC	AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT	TTTTCTTTAC	CTATGAAGAT	TTACCTTTGT	TAGACCCAGA	TAAATATTA	1140
	AATGAATATG	TTGATTGGAC	TGACACATTA	GAATGGCCAA	CGTCTTCAAG	GGAAGAGAGT	1200
40	AAGACTAAAA	GATTAGCAGA	TAAGCAAGGC	GACCCAGAAG	AAAAGCCGGG	AATTGTTGGT	1260
	GCATTTTGTA	GAGCCTATAC	GATAGAAGAA	GCTATAGAAA	CTTTTATTCC	TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT	CTACTAACCG	TTATACCTAT	CATGAAGGTT	CAACTGCAGG	TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA	ATAACAAGTT	TGCCTATTCT	CATCATAATA	CGGATCCCGT	AAGCGGTATG	1440
	CTTGTGAACA	GTTTTGATTT	AGTACGCATA	CACCTTATATG	GTGCTCAAGA	TGAAGAAACT	1500
	AAAACAGATA	CTCCGGTTAA	TCGACTACCT	AGTTATAAAG	CAATGCAGCa	AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG	TTGTTAAAAA	GCAATTAATT	AATGACAAAA	TGTCTGATGC	AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn	GAGAAAAATAG	CGATGATGCA	TGGTCTGAGA	CGTTnGAAAT	TACTTCGAAA	1680
55							

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTCGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa 60
CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC 120
ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA 180
TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA 240
ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT 300
ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG 360
CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CctTGCGAGA TTTTGGGGT 420
ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA 480
GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT 540
CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGACTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA 600
TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA 660
ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA 720
ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG 780
AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA 840
TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT 900
GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC 960
TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG 1020
TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA 1080
TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA 1140
AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT 1200
TTATCAAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAAT 1260
ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC 1320
GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT 1380

EP 0 786 519 A2

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTGTGCA TTACTACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 10 ATTAACATAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAACATAAC TAGATGCAAC 1740
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 494 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATCACTAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 30 CCCCATTATA TTTTAAATT TGTTTTTACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAAGTTTG 360
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2518 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60

55

EP 0 786 519 A2

	GATAATTTCh	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCC	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
15	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GcTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGcG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTFACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860
55							

EP 0 786 519 A2

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTtagTAT AACTtagTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTtCTATC TATTtagCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTtag TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTtgAG 2280
 TCTTCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCAATT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACTCTTTC TTAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCAIT ATCATAcACC GACATATTTT 2460
 ATGTtGTTGG TGTtAAGTTT aAAGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518
 20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTTAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCcAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTtGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTAAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

ATAGATGAAG GTGCAAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT 60
GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG 120
TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA 180
TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG 240
AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTGTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA 300
AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAAATAAAT AACCACCACT 360
AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG 420
GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT 480
ATACACATGG TGTCAATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC 540
TTCAAAATAG TAATGATTAT CTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG 600
AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA 660
TTATTTTAC TGACGAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC 720
CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT 780
ATCAAACTGC TATTGAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA 840
GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGAAA 900
AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAC TATAAAAAATG 960
TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCTAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT 1020
ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG 1080
CACCGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT 1140
TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT 1200
TAGGTATTGG GTCTGAAAA GATAAAGAAA TGAATATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC 1260
ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG 1320
CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTTG 1380

EP 0 786 519 A2

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560
 5 GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620
 CTACaGCATT TGGTACTAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680
 aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1600 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCctAATAAC AAAAGAATAG 60
 GTTTTaaaAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120
 ATGaATGTGA TGA CTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC 240
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300
 TGTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGAATAAAT 360
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTCATAAAT 600
 GTGACTTTAA ATCTTGTTCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTTCTTCGC 660
 GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720
 GTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTGTCAGTT TCAATCGCAT 780
 TTGTGTTCAA CA'TTTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

EP 0 786 519 A2

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTGAA 1080
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTTTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAATTCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 15 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 CATTTGTTTC TGKAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTCAATT 1600

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1227 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:
 30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTTAAAGCT TGGCAATCAG 360
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAACT 420
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

55

EP 0 786 519 A2

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTTG TrGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1953 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:
 25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTCATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTTGAAC AACAACTGTA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720
 45 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTGAG 960

55

EP 0 786 519 A2

	TGCATTAATT	TTAGGTTTAA	TTGGAGGTTT	CCTTTTAGCT	AGAAAATATA	TGATGGACTA	1080
	CTTGAAGAAA	AACCCACCAA	TCAACGAAGA	AATGCTTCGT	ATGATGATGA	TGCAAATGGG	1140
5	TCAAAAACCT	TCTCAGAAGA	AAATTAATCA	AATGATGACG	ATGATGAATA	AAAATATGGA	1200
	TCAAAATATG	AAGAGTGCGA	AAAAGTAAAT	TCGCAATTGA	TAGAGGCTAT	TTTCCAGATA	1260
	TGGAAATGGC	CTCTTTTAT	AATCAAATTA	ATAAGAATAA	ATATGTTTAT	TAAAAATTAA	1320
10	GTTAACAAAA	TGACGAATAG	ACTGAGAAAT	GCTATAATTC	ATTTTGTATG	ATTTACAGAG	1380
	AGTTTATTTA	ACGAGAAGGT	GTCyGCGTGC	TCTATTTAAT	ATTTTCAATC	ATTGTAGCTT	1440
15	TATTTATGGG	AACTATAGTT	ATAGTTATTC	GTATGAAAGC	TCAAAATTAT	CCGGTAAAKG	1500
	AGAAAAAAT	AGTTTGTCCa	CCgTTTTTTA	tGGCgACCGG	TGCATTGATG	TACGTCGTTC	1560
	CaTATTTTAG	GCTAACAGGA	TCGGAAATGC	TAGAAGCCTT	TATAATTGGT	TTGCTTTTTT	1620
20	CtACAGTTCT	AATTTGGACT	TCTCGATTTG	AAGTCAAAGG	TACAGAAATT	TATATGAAAC	1680
	GATCTAAAGC	ATTTCCAGTT	ATTTTGATTT	CATTACTTAT	CATTCGTACT	GTGATGAAAA	1740
	TATTCAATAG	TAATGAAATA	GATCCTGGAG	AATTAGGCGG	CATGTTCTTT	TTATTAGCAT	1800
25	TCTGTATGAT	TGTTCTTG	AGAGCAGCAA	TGCTATATAA	ATACAAAAAA	CTAAAGAAAA	1860
	CATTAATCAA	TTAATTACTT	TTaAAACCAC	TTGTGATCGA	CTTCTAAATC	AGTCAATGAG	1920
	TGGGTTTAAT	nTTACTTGGA	AAAGGnGGAA	AGG			1953

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 375;

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3787 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEO ID NO: 375:

	ACATTTGATC	AAATTATCGA	CATTAAAGAT	GAATTCaTT	GATCGTnTCA	ATGATTATCC	60
	TGTTGAAGTA	GCACGTTTGC	TTGATATAGT	GGAmATaAAA	GTACACGCAT	TACATTcAGG	120
45	TATCcACGTT	GATTAAAGAT	AAAGGGAAAA	TAATTGATAT	TCATTTATCT	GTAaAAGCCA	180
	CTGAAATAT	TGATGGCGAA	GTGCTGTTCA	AAGCAACACA	ACCTTTAGGT	AGAACAATGA	240
	AGGTTGGTGT	TCAAAATAAT	GCAATGrCAA	TTACTTTAAC	GAAACAAAAT	CAATGGCTTG	300
50	ATAGTTTGAA	GTTTTTAGTT	AAGTGCATTG	AAGAAAGTAT	GAGAATCAGT	GATGAAGCAT	360
	AAAGAAGCAT	TTAATGGCGT	TGTCGTGTTA	ACTGCTGCAT	TAATTGTCAT	TAAaATTCTG	420

1269

	CAACAAGTGT	ATCCAATTGT	AGCATTAGGA	ATGATATTAT	CGATGAAATGC	CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC	AAAATATAGG	GAAGTATCAT	AGTGACGAAG	CATATGCAAA	AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT	TAGTTGGTAT	ATTATTATTT	ATTGCTATTT	TTGTGTTTTGC	GAACAATATT	660
	GCACATATGA	TGGGTGATGG	CCATTTAACA	CCAATGATTC	AAGCTGCAAG	TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG	GTATGCTTGG	CGTGTTAAGA	GGTTATTATC	AATCTGCAAA	TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA	TTTCCCAGGT	TATAGAACAA	GTTATACGAG	TAGGTATTAT	CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT	TTGTAGACAG	AGGTTGGACG	ATATATGAAG	CGGGAACAAT	TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA	TAGGTTTTTT	AGGTTCTTCA	ATTTATTTAG	TAGCGCACCG	ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAATGG	TAAATAACAC	TGCAAAGATC	GTTTGGAAAC	AGTTCGCACT	TTCCGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA	TCAGTCAATT	AATCGTAATT	TTATGGCAAG	TGATTGATAG	TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC	TTCAAGCGAT	ACGCGTGCCA	TTCGATGTTG	CCATAACTGA	AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG	GTGCATCATT	TATTCAGATG	GGATTGATTG	TAACTACAAC	ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT	CTCTGTTAAG	TGACGCAATC	AAAATGAATA	ATCAGGTACT	TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG	CGTCATTAAA	GATTACGATT	TTAATAAGTA	CAGCAGCGGG	AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT	TGCCTTTAAT	GAACGGTGTG	TTTTTTAAGA	CGAATGATTT	AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGT	ATATGATTAC	GGTCATTTGT	GTATCGTTAA	TTATGATGGA	TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC	AACATGCTGT	GAGACCTATT	TTTGTGTGTA	TGACGGCAGG	ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC	TTAATATCAT	TTTGATTTCG	TTAAGTGGCA	TTATTGGTGC	GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT	CATTAAATTAT	ATTCGGTACG	ATTATCCATA	TTGCTGTCAC	GAGAAAATAC	1620
35	CACTTATATG	CGATGAGACG	ATTTTTTATC	AATGTTGTTT	TAGGTATGGT	ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT	AATGCGTGTT	AAACATAGTG	ACAACACACG	GTAGAATCAC	TGGACTCATT	1740
	GAATTATTAT	GTGCAGCAGT	ATTAGGTATC	ATTGCATTGT	TTTTCTATAT	TTTGTAGATT	1800
40	AATGTTTTGA	CATATAAAGA	GTTAACTTAT	TTACCATTTG	GTTCAAAGTT	GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA	GACGTTGATG	GCACATACCA	TTACGATTGT	TGGCTTAGGA	AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT	GCCGCTAGGG	ATATATAAAT	TTTTAAAGAC	ACAAGATAAA	GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA	TCATCCAGTT	ATAGAATCAT	TGCAAGATGA	ATTAACATTT	CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA	TGAAGCACAT	AACCAATTTG	AAGATGTCTA	TATTGATATT	GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC	TGCTAATGAA	AAAGATATTG	TCTATGCGGT	TCCGGGTCAT	CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC	TACAGTGAAA	TTACTGGCTT	TAGCAAAGGA	CAATACTGAT	ATAGATGTGA	2220

EP 0 786 519 A2

	ATGATGGCTT	CACACTGTTA	GATGCGACAT	CATTACAAGA	AGTAACACTT	AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT	GATTACGCAA	GTTTATAGTG	CAATGGTTGC	TGCTAATTTG	AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG	ATATCCTGAT	GATTACCCTG	TTCAAATTGT	CACTGGTGCA	CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA	CGTTGTGACA	TGCCCATTAT	ATGAATTGGA	TCATGATGAA	AATGCATTCA	2520
	ATAATTGAC	GAGTGTATTC	GTACCAAAAA	TCATAACATC	GACATATTTG	TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC	AACGGAAGTG	ATTGATACTT	TAGTTGATGA	AGATAAAGGT	TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA	AACGCaTGma	AcgCTAAAGC	GTTATTTACT	TGAAGAAACA	TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT	TGACAATGAA	GATGATTGGC	ATATGATTGA	AGAACTAGGA	GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGTT	ATTGCATACT	AGTATTGGTA	AAAAAGAAGG	GTATATCGAC	ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG	TCTTAATGCT	AAAATGATTC	GTAGACACCC	ACACATATTT	GGTGATGCCA	2880
	ATGCTGAAAC	TATCGATGAC	TTAAAAGAAA	TTTGGTCTAA	GGCGAAAGAT	GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG	AGTTAAATTT	GAAAAAGTAT	TTGCAGAGCA	TTTTTTAAAT	TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA	TAAGTCATTT	GATGAGGCCG	CGTTAAAGCA	GTGGCTAGAA	AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG	AGATTAGATA	AATATTTAAA	AGTATCACGG	TTAATAAAGC	GACGTACGCT	3120
	AGCAAAGAA	GTAAGTGATC	AAGGTAGAAT	TACAATAAAT	GGTAATGTTG	CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT	AAAGTTGAAG	ATGTGCTGAC	GATTCGCTTT	GGTCAAAAAT	TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT	GCATTAAATG	AACATGCATC	TAAAGATAAC	GCGAAGGGTA	TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG	CGTCGACTTG	AAGAAGCGTA	AATTGGAGGT	GACAAGCAAT	GAAAAATAAA	3360
	CTAGAACATA	TAGAAAAATCA	GTACACGTCG	CAAGAGAACA	AGAAAAACA	ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC	GTGTTGTTCTg	TAGGCGTATT	ACAGTATTTG	cGGGCGTATT	aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT	TATCaATCTT	GCTTGTGTGC	CAAAAACATC	GCAATGATAT	TGATGCACAG	3540
	GAGCGAAAAG	CGAAGAAGC	ACAGTTTCAA	AAGCAACAAA	ATGAAGAAAT	TGCGTTAAAA	3600
40	GAAAAGTTGA	ATAATCTGAA	TGACAAAGAT	TACATTGAAA	AAATTGCGCG	TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA	ACAAAGGTGA	AGTGATTTTT	AGGTTGCCAG	AAGACAAAGA	TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT	CGAAAAAATA	AATCCAAATT	GATTCAAAAT	TATCCGAGTA	TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA						3780

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 376:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1644 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCnAAGA CGGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTCAACCA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAAC TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAAATTGCC CATCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AACTTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TGCCTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGC GGTA AGTGTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
40	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTGTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTGCGAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTAAAGT GATTGCGATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTcATACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620
55		

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 431 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA	aaaATCATTA	AGTTAAGGT _r	GATACACATC	TTGTCATATG	ATCAAATGGT	60
TTCGCCAAAA	ATCAATAATC	AGACAACAAA	ATGTGCGAAC	TCGATATTTT	ACACGACTCT	120
CTTTACCAAT	TCTGCCCCGA	ATTACACTTA	AAACGACTCA	ACAGCTTAAC	GTTGGCTTGC	180
CACGcmTTAC	TTGACTGTAA	AACTCTCACT	CTTACCGAAC	TTGGCCGTAA	CCTGCCAACC	240
AAAGCGAGAA	CAAAACATAA	CATCAAACGA	ATCGACCGAT	TGTTAGGTAA	TCGTCACCTC	300
CACAAAGAGC	GACTCGCTGT	ATACCGTTGG	CATGCTAGCT	TTATCTGTTT	GGGCAATACG	360
aTGCCCATTG	TACTTGTTGA	CTGGTCTGat	ATCcGTGAGC	AAAAACGGCT	TATGGTnTTG	420
CGAGCTTCAG	T					431

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC	GTATTATAAA	TCGTTAAAAA	TTTTGGTTGT	GTTTGCCTCA	CGTAGACAAC	60
CTCCATAAAG	TTACTTAATC	ACTCTCATCA	TACAATAATT	TTTACTCAA	TTGGAAnAAT	120
TATAAAAAAT	AAATATAGAT	AGGCTTTGAA	AATTAGTTTT	ATACAAGGTT	AGTAGCTGTA	180
ACTGTAAAAT	GTTCTTAATA	TTGTCAAAAT	GTAATGCTTG	AAAGCGCTTT	TAAAaAATAT	240
TATTATATAC	ATGGTTAGAC	AAATAGACAA	ATCACTATAC	AAATATTGGG	AGGAATATTT	300
TATGAAATCA	ACACCACACA	TTAAACCAAT	GAATGACGTC	GAAATTGCAG	AAACGGTTCT	360
ATTGCCAGGA	GATCCGTTAA	GAGCTAAGTT	CATTGCAGAA	ACTTATTTGG	ATGATGTGGA	420
ACAGTTCAAT	ACAGTGCGAA	ACATGTTTGG	TTTTACCGGA	ACATATAAAG	GTAAAAAAGT	480
TTCTGTCTATG	GGTTCAGGTA	TGkGTATGCC	ATCTATTGGC	ATTTACTCTT	ATGAATTAAT	540

	CATTGATTTA	TATGATGTGA	TTaTTkCACA	AGGTGCCTCT	ACTGATTCAA	ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA	TTACCAGGTC	ATTTTGCGCC	AATTGCTTCT	TATCAATTAT	TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA	GCACGTGACA	AAGGTGTACG	TCATCATGTA	GGTAATGTGT	TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT	AACGCGGATA	CAACAGCGAG	TGAACGTTGG	ATGCGTATGG	GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG	GAATCaGCTG	CaTTATACAT	GaATGCAaTT	TACGCTGGTG	TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTC	ACAGTGAGCG	ATCATTTAAT	TCATGAAACG	TCAACAaCAC	CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA	TTTaCAGATA	TGATTGAAAT	TGCACTGTCA	TTGGTGTAGA	TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT	TCTAAAATAA	AGAAAGCAGT	ACCTATTTTA	TTATTCTTAT	TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGTTTATA	GACAACTCAT	TTAAATTGAT	TTCTGTAGCC	ATTGCTGATG	ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG	ACAGTAAGTT	GGCAAGCGAC	ATTAGCCGGT	TTAGTAATTG	GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC	GCTTCATTAT	CTGATGCCAT	TAGTATACGC	ACACTATTTA	TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC	ATTATCGGAT	CAATTATTGG	TTACATTTTC	CAACATCAAT	TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA	CGTATTATTC	AAACTGCCGG	TTTAGCTGCT	GCAGAGACAT	TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA	AAGTATCTTT	CTAAAGAGGA	CCAGAAGACT	TACCTTGGCT	TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTCC	TTGTCAATTAG	TTATCGGTAC	ATTATCAGGT	GGATTTATTT	CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA	AATATGTTTT	TAATTGCATT	AATCGTAGTA	TTTACGTTGC	CATTCCTATT	1560
30	TAAATTATTA	CCAAAAGAAA	ATAATACGAA	TAAAGCTCAT	TTAGATTTTG	TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA	ACTATTGCTA	CAACAGTCAT	GCTGTTTATT	ACGAACTTTA	ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT	GCCTTAATTG	CGATTATCGT	TTTTGCGCTA	TATATTAAAA	ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA	AATAAATCAT	TTTTCCAAAA	TAAACGTTAT	GCTTCATTTT	TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG	TATGCTATCC	AATTGGGTTA	TATTTTACG	TTCCCATTCa	TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT	CTGcAACTAG	ACACAACATC	ACTGTTATTA	GTACCGGGgT	TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT	TGGtGgCACT	AAGTGGgTtA	AAATCGGgCG	rAATATCTGG	AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT	TATCACAGCC	AATTAA				2006

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4858 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAATAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTGACTC CCAAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGTGATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTGGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAAAT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCACT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

EP 0 786 519 A2

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACCTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTCGCAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTCGCT	TAAGTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGAAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCAG	GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACCTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTAGAT	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAAATGTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GTTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540
55							

EP 0 786 519 A2

AGAAATTCAT AAAC TTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660
GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720
5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780
AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTGGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840
AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCAATTGCT ATCATCGGCG 3900
10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960
AAACAAATAA TAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020
AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080
15 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140
AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAACACAA CAAGCATCTG 4200
20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCTG TAAAAAATGT 4260
CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320
TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380
25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAAGC 4440
TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500
GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560
30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620
TTTAGCAGTT AAAGCAGAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680
TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740
35 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800
TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2222 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
45 (D) TOPOLOGY: linear

50 (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60
TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

55

EP 0 786 519 A2

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTTCG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTGTTGAA TGGATTTTGT ATTTGCTGAG GGAATCATT	600
	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
15	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAAACG TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
35	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCTTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920
55		

EP 0 786 519 A2

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040

TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GCGATAAAT 2100

5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATGcTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160

TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220

TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1143 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

15 (C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

20 TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60

TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120

25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180

TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240

CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300

30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360

GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT 420

TTAAAGAGGT GTATAAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480

35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540

TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600

40 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660

TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720

AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780

45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840

ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900

TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATTA CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960

50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020

GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

55

EP 0 786 519 A2

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 506 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240
 ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGaCC TTGTTTAtGA 420
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180
 AAGTTTTTtag ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCCCTTAG ACAAATACT 360
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACCCAT TTAGCATGAC 420

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 862 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

```
TGCAC TTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA      60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT      120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA      180
ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTGA GAAACAAGTT ATACATCGCG      240
AGTGTATTTA GCTGTgGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAAC TCAAC      300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT      360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC      420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT      480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT      540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG      600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC      660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG      720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC      780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT      840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC                                             862
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1027 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

```
AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT      60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT      120
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

35

55

EP 0 786 519 A2

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCGACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTAn AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 662 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 35 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTGCTCAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 669 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAAT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60
TATAACAAAT CCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
CTAAACTGCA ACGGTTCCCTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180
10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATT TTTTATAAA 240
CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAAGTTGCAA 360
15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420
GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAAGrCm AATTtAAAA TgATTAAAA TGATTTCOA 600
AATTgCGGtC mACtTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTAAAAT GGTGCAAAAT 120
40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240
45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300
TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGCTCnCTA 480
AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

55

EP 0 786 519 A2

	CGATTGCTT	ATACGTGTCA	GTGTTAATTC	AGATATTTCC	TGTGGAATAT	ACCACTTATT	660
	AATCATAATT	GGATAAGGTG	tTTGTGCGTA	CAGTGTITCA	ATAATCAGCC	AACAATGTGT	720
5	ATCACCaTCA	AACACGTGAC	TATGATTTTt	GAAGTGGGGC	GCTTTGGTAA	TAGACATTTT	780
	TAAATCTGAT	TGATATGCAT	TGCTATAAAT	CGTTTGCTCA	ACGAATGTCT	TCATGTCGTC	840
	TTCGTTTTGT	GTATTCACCT	TAAATGTGTC	AATGACATTT	AACGGTATAA	AGGTAAAGCA	900
10	AAATGCATCA	GCTTGCTTAG	AATGATTGTC	CTTTTTTTGA	TAATAGCGTT	CCATTGCAAT	960
	GACGGCAGAA	GGATGGTTTG	CAAACAAATG	ATTTGTATAT	TCACTTTCTA	AATCAACACG	1020
	ATAATTAATT	GATGACATAG	ATACGCGAGC	TAGCAATATT	TGATCAAGTG	GATGCTTAAA	1080
15	TTGATCCATA	CTTGAAGCGT	GTTGGGCATT	TGTTTGTGGA	ATAACAAAGT	GTCCCTTCCC	1140
	TCTTGACTC	TCTACGATGC	CATCTTCGGC	TAACAATTTt	ATAGCTTGGC	GCAAAGTCAT	1200
20	ACGACTGGAC	ATCAAAGCGC	GCACAAAGTT	CCTTTTCAGT	AGGTAATGC		1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1788 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

	AATGATGATT	CATCAAAGA	AATTAACGCT	CGGTATATGC	TTGGTATTAC	TCATTATATT	60
35	GATTGTAGGT	TATGTCATTA	TGACAAAAAC	AAATGGTCGA	AACGCCCAA	TTAAAGACAC	120
	ATTTAATCAA	ACATTAAAAT	TATATCCAAC	CAAAAATCTC	GATGATTTTT	ACGATAAAGA	180
	AGGCTTTCGA	GATCAAGAAT	TTAAAAAGGG	TGATAAAGGT	ACTTGGATAG	TTAATTCTGA	240
40	AATGGTAATC	GAGCCAAAAG	GTAAGGATAT	GGAAACGAGA	GGAATGGTGC	TCTATATCAA	300
	TCGCAATACT	AGAACCACAA	AAGGGTATTA	TTTTATAAGT	GAAATGACAG	ATGACAGTAA	360
	CGGCAGACCA	AAGGATGATG	AAAAAAGGTA	TCCGGTAAAA	ATGGAACATA	ATAAAATCAT	420
45	ACCAACGAAG	CCACTACCGA	ATGACAAGTT	AAAAAAGAG	ATTGAAAACT	TTAAGTTCTT	480
	TGTACAATAT	GGCAACTTTA	AAGATATTAA	TGATTATAAA	GATGGTGATA	TTTCATATAA	540
	TCCTAATGTA	CCAAGTTATT	CGGCAAAATA	TCAATTGAAT	AATGATGATT	ATAATGTCCA	600
50	ACAGTTaAgA	AAAAGATATG	ATATTCCAAC	CAAACAAGCG	CCGAAACTAT	TATTGAAAGG	660
	CGATGGAGAT	TTAAAAGGTT	CATCCGTAGT	TcTAGAAGTC	TTGAATTTAC	CTTTGTGCAA	720

EP 0 786 519 A2

	AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA	840
	AACAAGTTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA	900
5	GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT	960
	GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC	1020
	TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA	1080
10	AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC	1140
	TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA	1200
15	TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA	1260
	TTTGGAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA	1320
	GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC	1380
20	TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT	1440
	AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA	1500
	GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC	1560
25	AATGATTACT ACCCCTAGTC GGCGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAACT TGCCCTCGTT	1620
	GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAAATCTGG	1680
	AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT	1740
30	tAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC	1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35	(A) LENGTH: 2407 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

	GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA	60
45	GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA	120
	ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTT	180
	ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC	240
50	TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAG TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTTATT	300
	TTTGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA	360

55

EP 0 786 519 A2

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTGCGCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTGT TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTATTTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
40	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160
55		

EP 0 786 519 A2

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280
GCCAATTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340
5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400
ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2424 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

20 ATGATGnATG GcncCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60
GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120
GGTTTAAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTG TAGAT 180
25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240
TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTGTG TTCTGATGAC 300
GAAATTGATG ATGTTGTGTA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360
30 GAAAAAGAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420
TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480
ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540
35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600
TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTGCGA ATTAAAGGTT 660
CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720
40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780
CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840
GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGCACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900
45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAAGTAG TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960
AAACTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020
50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCTT TTTGAGGCAT 1080
GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

55

EP 0 786 519 A2

TGGCACATAA TGTTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT 1380
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG 1740
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA 1860
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920
 GCATGAAAAA TCGGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100
 GTTAAGaAAA ACTTAGATTA TGTGCAAAA ACACCTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAC TGAGGATATC 2220
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AACTCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA 2280
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTCT 2340
 35 CAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:
 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 738 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:
 50 ChATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60
 GTGGGTAGTT TTTTtagTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120
 55

EP 0 786 519 A2

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACCTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420
 CATTTCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAAACTG 480
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAAT 540
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTA CTAAAAAGCG CTAGAACAA 420
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATT TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATAC AATTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

EP 0 786 519 A2

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAG TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTG 1020
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260
 CATTGTAACG 1270
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAATATAC AGTTGaAATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360
 GTCATTCAATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480
 40 GTGATTTGCT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660
 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGTA AGAAAATGCT ATATTAAAT 840
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTIONAAG 900

55

EP 0 786 519 A2

GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG 1020
 CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG 1080
 5 GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGTTTC GGATATGATC 1140
 CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG 1200
 GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA 1260
 10 AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA 1320
 ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA 1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1383 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25 AATTCTCGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT 60
 CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG 120
 TGCTGCACCA AGaACAATT CATTAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC 180
 30 CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT 240
 ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACCTCA ATTCTAATCA TATATATTAG 300
 TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA 360
 35 AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT 420
 AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC 480
 TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA 540
 40 AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA 600
 GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG 660
 TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA 720
 45 AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG 780
 CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTGTAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC 840
 TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC 900
 50 TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA 960

55

EP 0 786 519 A2

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAAGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTGTGC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTc TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 415 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:
 25 TCCACTAaNa TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAg TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAT GGckGTATa TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 50 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTGTGA TTTGTCTAC TTTTTCATCA 180

55

EP 0 786 519 A2

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCACACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTC AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTATT ACCGTATACA TCTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 20 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080
 25 TTAAATGTTT TTCTATTAATA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TAAAAATGtT CyTATATTCC 1140
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAATA 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 50 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

EP 0 786 519 A2

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

20 ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAaAGAAA TCAGTGATTT TGTTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAaAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTaY aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAACATAA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 35 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTCTTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCCCTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAATT 1020
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTa GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```
CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTATTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAACTTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCTTGTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAAGTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTAAAT ATTCCGATTG      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTAAATTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847
```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```
TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAATTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTAT CATCATGAAA      120
```

EP 0 786 519 A2

GTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
AAAAATAATC GCTATAAGCg TGCgATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTGAG 420
CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAAT AATTGAAGTT 540
AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 630 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
35 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
AAAAACAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
40 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480
45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 6254 base pairs
55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTITTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
25	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
	ATTCTCAATT GCGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCAATAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTC AGCGTTAgcA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTTGGTGGT	1560

55

EP 0 786 519 A2

AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC 1680
 AAAGGTTTAG ATTACAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT 1740
 5 ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT 1800
 GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA 1860
 GCGCGTGATC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT 1920
 10 ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT 1980
 ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT 2040
 15 GAGTCACCTG AACATTAAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTG TAATTTTTGT 2100
 CATATCAGTG ATCATTCTTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA 2160
 AAATCAAAAG CCACCTCAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT 2220
 20 TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA 2280
 ATCATCGAAA CGAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA 2340
 AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA 2400
 25 ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG 2460
 ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA 2520
 TGATATTA AAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAA TTGCTAAAAT 2580
 30 GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT 2640
 GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT 2700
 CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC 2760
 35 AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTTGTTTTTT 2820
 TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT 2880
 40 ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA 2940
 AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC 3000
 AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT 3060
 45 GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC 3120
 TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT 3180
 CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAGC 3240
 50 GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA 3300
 AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT 3360
 55

EP 0 786 519 A2

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTcYCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGACTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAtAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
55	ACCGTCATCA CCTTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

EP 0 786 519 A2

ACCATTTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTGT 5280
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340
 5 TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400
 GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGATCC 5640
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760
 TTTACCCGAA GACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAAT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820
 20 TGTAGTGGGT GAAATCATTG GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880
 TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCGA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA 6060
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120
 TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT 6240
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3710 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTCTTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTGT 60
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

EP 0 786 519 A2

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTTAA AACTGCAATT TTTTATAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATGCAATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTCCACGA	600
	CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
10	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGACC ACTTGaATGc TTTTTGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCAATTCATT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTCATATG TTGCCATTCT	1020
	TAAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAACTAGCC AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
	ACGACTCATT TTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
30	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAAATCAGC GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTCAATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
45	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCCT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

EP 0 786 519 A2

	CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT	2220
	CATTTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTT CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG	2280
5	CACGAACTGC GGCATTTCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG	2340
	CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCCTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA	2400
	TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA	2460
10	ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC	2520
	GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC	2580
15	CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GGCGATTTTC TTAGCTTCTG	2640
	AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACGG AACATTGGCT TTGATCATTT	2700
	CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA	2760
20	ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT	2820
	AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT	2880
	TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG	2940
25	TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC	3000
	GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTC	3060
30	TTATTTCAAC TTAAATAACG GTTGCCATA CTCTACCATT TGTCGGTCTT CTAATAAGAT	3120
	TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA	3180
	AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTCTTCGTC	3240
35	TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC	3300
	TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG	3360
	CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT	3420
40	TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA	3480
	TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT	3540
	CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT	3600
45	CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT	3660
	AAAAACACTT GTGTATTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA	3710

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1705 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCTTTn TCCACCAGAC AATTGAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATwATTTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAACTAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTGATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGEGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTGATGCA TGTTCATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTAAATTTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAAATAA CTGTCTATTG GAAAAATCATA ATCGATTAGA CTAATGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ATATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620
55		

EP 0 786 519 A2

GCACTATCCA TACTAATTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1722 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAATAATCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTGTGTC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACC GCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTAA TAAATTTTAA	1200
	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTT TAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

55

	CGAAwTTAT	GAGCTAGAAA	GGCTTATGCA	GTTGACGTTT	TACGTCCAAC	TGCGTTCCTC	1440
	CGTCTTCTTC	AAATTTATTT	GThAGAAAGG	CACCCAACTC	TCCCTGTTTG	TTAACTTTTCG	1500
5	CCTCGAAAGT	TTCTATGTTA	GAACCCATATG	CATGAGTTGC	GAAnTATCTA	ATGTCGTGAA	1560
	CTAATTATAT	AGAAGAAAAA	GTGCATCAAT	GACAAATTAA	ATGAGATTTT	TACTCTACCA	1620
	AACTCTCTTC	GAAAGACAAT	TTTCTCCTCT	ATTTATTAGC	AACTATTGCA	TTTCTCCATA	1680
10	TAGTACTTCC	TTACTTAAAA	TACGCTGAAT	GTCTGAATTA	AA		1722

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 5521 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

	GCGAGACCCC	CTGAGGGAGC	AGTGCCCAGT	CGAAGACCCG	AGGCTGAGAC	GGCACCCCTAG	60
25	GAAAGCGAcC	ATTyCAATAC	GAaTTgTGAt	AAATAGAGAA	CAGCAGTAAG	ATATTTTCTA	120
	ATTGAAAATT	ATCTTACTGC	TGTTTTTTTA	GGGATTtTATG	TCCCAGCCTG	TTTTTTGTGA	180
	TTTTTAATAA	TTTGAATATG	GAAAATGTAT	TATTCTCTCA	TTTGATATAGA	TTGTATTtTAA	240
30	TAAGTTAATG	TAATCCTTGA	GCTCACGATT	AATAAAATTC	TATAACCTTA	ATTATTTTCT	300
	CGATACAAAG	GGTTATTtAAC	TTTAATATAA	GTATAATGAT	GTGCCTCATC	TTCAAGACGC	360
	ATTGTTGTAA	CACACTTATA	ATCTATAAAAT	GGCGCGAACA	TGGTATCTTT	AATTTCaTTT	420
35	ATGCGATTCT	CATTTACTTG	ATTAGATTtTG	TGTGTCGAAA	GTACAAGTTG	ATCaAAAATG	480
	TTATCTAGTA	CATCACGAAC	GATATACCAC	ATATGTCTTT	CTAAGTTTGA	ATCATTtTGAT	540
40	GCTTTAGAGA	TTGTAAGAAT	TAATTtCGCCT	AAATGGTTTT	GAACGGTAGA	ATAAAAGGCT	600
	TTGTTAAACA	CAGACGTTTT	TGAATCAGTA	AGAATTCTTG	ATTTTTtCATG	GAAATGAGAT	660
	GTACTGTATA	CCATTTtCATT	TAGTtGTGCT	TTATCAATTC	TTAAACCTTC	AAAGTCTCTA	720
45	ATATACATCG	TGTCCAATAG	ACCATCTTTC	CGAAATGTTG	CAATAGCATT	TTGCAAGTGA	780
	GCCTCTAATG	CAATGCCATA	TTTAGTAAct	AGTGGGATTA	CGAGACCAAG	CAATGCTTTA	840
	CTATAAGTTT	CAACCCACGA	TTTCGCCGAT	GATTCAAaAT	CAGACAATGA	TGCAGCTGAT	900
50	TGATAACGTT	TAATCAATGT	CACGATAGGT	GATTCAttGT	TAAATGGGTA	GGTTGCAACT	960
	AAGCTTGAAG	GAATCAATGG	TGTGACTTCT	TGTGGAATCA	TTTGGTATAT	ATTTTTTCTA	1020

1306

	AAAAATGAAT	ACCAGCAACT	TCATCAATAA	TGTTGATGTC	ATAGGACTTA	AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA	AATATCATT	AAAATACGTG	TCATTAGTGG	ACCATTGTGC	GTCTTTTGT	1200
5	CTGATAATGT	ACGAATCTCA	CCTGTAATAT	GAACGTTTGT	CGACAATTG	ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG	GTATTAGGA	ACTAATGTTT	TGAAAGATAA	ACCAGCATAA	TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC	TTCAATGATT	AATTCCTTAT	CTACTTCTGC	TTGATAATCA	GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA	TTGCCATGGA	TGAACAATCA	TAATGTGATA	ATCATTAAAG	TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC	ATTTTCTAAT	TGTTTAATTA	AGTCCGGAAA	TAGTTGATGA	ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT	AGACAGTGAC	ATAGTACGGC	TTAATTACT	GTGAATCAGT	ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG	TTGATTGAAT	TCTGAAGAAT	ATAGGAATGT	TTGTAATGCA	TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT	AGCCCCAGGA	TGTAGCGGAT	GACCTTCAAT	AACGGCTTGC	TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC	TTCGCTATTT	TCGATAATAT	TAAATAAAGG	TGCAGAATCA	TGTTGCATTG	1740
	ACAGTGCTTG	ATAGCTAATT	GCAAATGTCA	TATtAGTtGC	ACTGTTTATT	AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC	ACTAGCAGCA	TTTTTTAAAT	CTGGTGCTTC	AATTAATAA	CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTGG	ATGGTGTACT	CGTGTAATCG	TATTTGTAAT	GTCATCTTTA	ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC	ATCAATTCGA	TCAAAGGCGT	GTTCTCCAGT	GATAGGAGCA	TATAATGTTT	1980
30	GCTTAGCTTG	TGGGAACGG	ATTTCTAGTA	TATGAGTCGT	TGAGATATCT	AACATAATCA	2040
	AATCAGGACT	CAATATTTTC	TTACTTTGAG	TGCGCGCTTT	AACAAAGTTT	TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC	CAATCTCTGA	GTGACTTTAT	CTCTTCCTTG	TAAAATCATC	TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA	ATCGCTATTA	TGTTGTTGTA	AAAATAAATA	TGTTTCTTGT	TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA	TGTCTGTTCT	TTAAAAATTA	AGTTCAAGTT	CATAATTCAC	CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA	AAGCAAGATA	GATTTGTATA	ATCCATATTA	ATGATAATGA	YTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG	CGGGTGTAA	TTTTATGACA	AAATATTTTT	TTAGCAGTTC	TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA	ATTGGATTGG	ACAAATAGGG	CTAAATTGGT	TTGTACTTAC	CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT	ATCTGGGGAT	TGTCAATTTT	TGCAGACTTG	TACCAATATT	ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG	GGGCAATTGC	CGATAAATAT	GATAAAGGGC	GATTGCTGAG	AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT	TTTTAGTAAC	TGCAATTTTA	TGTGTGCTCA	CGTATAGTTc	ACTGCAATTC	2640
50	CAATTAGCGT	CATTATTATA	TATGCGACAT	TAAGAGGGAT	TTTAAGTGCG	GTTGAAACAC	2700
	CTTTAAGACA	AGCAATCTTA	CCAGATTAT	CAGATAAAAT	ATCTACTACA	CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC	ATTCATCATT	AATATTTGTC	GTTCAATAGG	GCCTGCCATT	GCTGGTGTCA	2820

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTATT	ATGCTTACCA	TTACATTTTA	AAGTAACTAA	AATACCTGAA	GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC	GTTAAAAGTT	ATTATAGATT	ACTTCAAATT	ACATATGGAA	GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC	ATCATTATTG	ATTATGGCGA	CAGGTTTTTC	ATATACGACA	CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA	CAAAGTATTT	CCGGGGAAAT	CTGAAATATT	TGGTATCGCT	ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG	TGGTATTATT	GCAACGCTAG	TTTTACCTAA	AGTACTTAAA	TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT	GTATTATTTA	AGTTCATTTT	TATTTGGCAT	TGCTTTGTTA	GGTGTGGTAT	3240
	TTCAACAATAT	TGTCATCATG	TTCATTTGTA	TTACATTGAT	TGGGTTATTT	AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC	AAATCGCGTT	TATTTTCAAA	ATAATGTTAA	AGATTATGAA	CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT	TaTTATGATG	GgATAGAGGT	ATGaTTCCAT	kGGGAAGTCn	ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG	ATGTGTTTGG	CATTGTTAGA	ACTTTTTCAA	TAATGGGAAT	AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA	TGGTATTCTA	TTTTATAAAT	AGAAAGTTGA	AGTTAAAGTT	GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA	TATCTTGAAT	GGGCAAAGGC	AGATAGAAAT	ATTCAATATC	GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT	AAAGAACGTA	TTTACCCCGA	GCAAACATTT	ATTTGCGAAA	AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT	CAGTATCATA	TGCATGTGTT	GACTATTGAA	GTTGTTAGAA	AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT	GAGTTTACAG	GTGATATTAC	TTATTTAAAT	AAAGGTGAAA	CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA	GAAGGTTTAT	TAGATGTGTT	GAATCATGAC	TTTGATATCC	CTATTTCAGA	3840
30	GCGACTACGC	GAAGAGTTAA	TACACAGTCG	AGATAGTTTA	GTTGAAACAT	ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA	CAAACGTTAA	TAAGTCmAAG	TTTTAAATTT	TCAAGGTAC	CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT	TCakGGTtAC	AACATGTAAA	AGATAGTGAT	AAGACAGATG	ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT	TTGGTACCAG	AGGGGCATCC	AACACACCCT	TTAACCAAAA	CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG	GAAGAAGTAC	GAGCATATGC	ACCTGAGTTT	GAAAAAGAAA	TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG	ATTGAAAAAG	ACCATGTTGT	GTGCACAGCT	ATGGATGGTA	ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT	GAAATAATTC	CCGAATACTA	CAATCAGATT	CGTGTGTTTT	TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA	AGTGAAGACT	ATAGAGCGAT	TTTAGTACAT	CCTTGGCAAT	ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA	TATTTTGAAG	CATGGnTTGC	TAAAAAATA	TTAATTCCAA	CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA	AAAGCaACTT	aTCatTTaGG	ACGATGTCTT	TAATTGATAA	ACcATACCAT	4440
50	GTAAgTTGC	CCgTCGATGC	aCAAGCAACA	AGTGCCGTTA	GAACAGTCTC	AACTGTGACT	4500
	ACTGTAGATG	GACCAAAGTT	AAGTTATGCT	TTACAAAACA	TGTTGAATCa	ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG	CTATGGAACC	GTTCCGTGAA	TATGCAAATG	TTGATAAAGA	TAGGGCACGT	4620
55							

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

55

EP 0 786 519 A2

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAACCTGAT CAAGCAAACCT TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600
TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AAACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCACTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTTCG GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960
GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
15 AGTGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGAATCTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200
20 AATATTTTGA TCGATAAAGG AAAAAGCTGT GTTAAAGTAA AAAAAAGTAA AGATACTGAA 1260
G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 2488 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120
GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGCTTAT TTAAGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180
40 AACAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540
AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTCACAAT 600

55

EP 0 786 519 A2

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTA	TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT	AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG	CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC	TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAAAAC AATTATTTCTG	CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTTAATG TTAGGGCTAT	TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTCACTCT TATCCCTCCT TGTAATATA	TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT	AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC	GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT	ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT	TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA	GCTTTTTTAT TGAATAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT	ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC	GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA	GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC	GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGSTA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT	CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTGCTCCA	ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT	AAAgTACCTA TTGATTTTAT	1800
	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTTATTG	tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA	TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT	TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG	TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT	TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT	TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG	TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT	CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA	TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
55	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT	CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

EP 0 786 519 A2

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1105 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AAAGTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAAAGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGTGGAT TAATTTGTGC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAGAAG TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAACT GACTAGTTCTG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGTACTA GTCAGTTTGT	420
ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTTAAT CTTATTTTGA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTATATAT TTCTTTGAGT TGTGTTCAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAATGGTT TGGAATTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGGCTTA GTGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGG AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 579 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60
TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120
ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180
10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240
ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC 300
TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTC GTTGCTCGAA TAATCTTCT 360
15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATkGA 420
TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATGTG 480
ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540
20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1342 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60
35 CAGGTTGAAC TGTATCTTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120
GGtTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180
TTTCCAGCTT TAGCATTTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240
40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300
AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360
GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA 420
45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480
TTATTTCAACA CCTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTTCAGCA GCAACTCTTC 540
AAAAATTTTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600
50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

EP 0 786 519 A2

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCATTGAA TAACGATATC 1080
 GAATAATTTA GATGTGCGAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140
 15 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200
 ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260
 GAGGTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1073 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180
 TGATCTKTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240
 AGTTTTAAATA TAGCTTCaNa TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300
 40 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420
 TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480
 45 ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600
 50 TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

55

EP 0 786 519 A2

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTCTG 840
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAt AACATTTACA CGCGAtGATA 1020
 10 TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTAAGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600
 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660
 40 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840
 TACCTTTTAt TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT 1020
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

55

EP 0 786 519 A2

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAAGTGGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTC TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCITTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACA CA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGTTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880
55		

EP 0 786 519 A2

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTAAATTTCA CGTATGATTA 3060
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAkATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTTC CAAT TGAATTTT TATTATTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACtTCCT 120
 AATTTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180
 25 ATAATATTGC CTAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300
 TTTCTATTTA TTTTGCGTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AgAATATACA CATATTATTA 540
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600
 ATATaACTTA CGAACTAAAC ATAATTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTtCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

55

EP 0 786 519 A2

5 ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC 1260
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCAACCATT 1320
 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTGT TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT 1440
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500
 10 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560
 ATCACTCTCT CTTCTATTTT TTGAAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTTTAAA TTAATCGTCA 1680
 TGCGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT 1800
 20 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920
 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980
 25 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAAATGAA 2040
 TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATat GtKATTGTTT TTAAAATCGT 2100
 TTCAAAAGA 2109

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40 GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCCTA TGCTACACCA GAACATAATT 60
 ATCAATTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120
 45 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA 180
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240
 TATATGTACA GTTCTACGG TCATGCATTT TAAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300
 50 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACAACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

55

EP 0 786 519 A2

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540
 ATTATTAATAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720
 GTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAwT AaTAGTTTGG 780
 10 CCATTATAAG AACAAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 640 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
 ATTCATGATT CAATTTTGTG TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540
 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
 40 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAAACATAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

55

EP 0 786 519 A2

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGGA AATTTGTAA ATATTGCTT TTATCATTTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTTGTAGA ATCTCTTGA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTTCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTTAATTT 660
 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 20 TAAATGAACA TTTTCTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTGTT TAGTCGAAAA 840
 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900
 25 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTA AAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTTTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1879 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGTCT TCAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTGGCTAT TTAAATTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

55

EP 0 786 519 A2

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTTGAAG TCATGTCTGC 360
 ATTTGGAACT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACTTAG ATTGCTTTTT 600
 10 TAGTTTGAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAGTAGTAA 660
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC 720
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAAATATT ATAGAGCTGG 780
 15 TACTTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGACCTT ATAAACGACA 900
 20 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960
 ATTCAAGTTT GGTTCATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380
 AACAAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440
 35 GCTTGATCAT CTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT 1680
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTGTA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740
 45 GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800
 ATaTCCAGAT aAGCCAtGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2710 base pairs

55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwActACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TGrTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG AACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCa CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAATAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

	GTGTTTATC	TCAAGATGTG	TTACTCAAAA	AGTTATAGAA	GAAGCTACTA	AAGTTAAAAC	1680
	AGAGATTGAT	ACTGCAGAAG	ATAACTGTAT	CTCTCCATCT	ACTGTAAGTC	GTATTAGAAC	1740
5	TAAAGCGGCT	AATTCAATTAC	GAATTAAACC	CTTTAATTGT	TTGCCAGAAC	ACATCGCTAT	1800
	GGATGAATTT	AAAAGCGTTA	AAAATGTAAC	TGGATCAATG	AGTTTCATTT	TTATAGATAA	1860
	TGATACTCAT	GATGTTATAG	ATATTTTAGA	AAATAGAACT	ACAAGATTCT	TGCGTGCCTA	1920
10	TTTCGAGCGA	TTCGATTTAA	AAAATCGACA	ACAAGTTAAG	ACGGTTACTA	TTGACATGTA	1980
	TGAACCTTAT	GTCCGATTAT	TTCGCGACCT	ATTTCCCTAAT	GCAGCTATTA	TTTTTGACAG	2040
	ATTCCATATC	GTTCAACATT	TAAATAGAGA	ACTTAATAAG	TATCGTGTAC	AAGTTATGAA	2100
15	TGAATACCGT	AATAAAAAAG	GACCTGATTA	TACAATTTT	AAGAATAACT	GGAAAGTCCT	2160
	ATTGATGGAT	ACTAGTAAAA	CCATATTTAG	TAAATACAGA	TGGAATAAAT	CTTTTAAGGC	2220
	TTATAAACGC	TCATCTGACA	TTGTAGAATT	CATGCTTTCA	AAAGACGATA	TACTACGACA	2280
20	CTCCTACGAA	CTTGTCCAAG	GATTACGAAA	AGACCTAAGG	TTATGTAATT	GGCCTAAATT	2340
	TATTAATCGT	TTAAATTCAG	TTAGTAAAAA	GTCTGTGAGT	AAGGGTGTAT	GGAAAGTGGT	2400
	TAAATATTAT	AGAAAACATC	AAAGGATGTT	AAGAAATACA	ATTTATTACC	CAGCATTTAA	2460
25	TAATGGTGCT	ATAGAAGGAA	TTAATAATAA	GATAAAATTA	ATCAAGTGAA	TTCTTTTGG	2520
	TTACAGAAAT	TTCAACAACT	TTAAAGCACG	TATAATGATG	aTTTTACGCT	TGTACAAAGG	2580
30	AGaAAAAAG	AAGACAACCA	AGCCCAATAA	TGGACTGGCC	GCCTAATAwA	nGGGskCTAA	2640
	AAGTTgTATT	TTTAAAAATA	GTTCCCTTTAA	ATTATATACC	ChCCACATTT	GGGGGAGGAC	2700
	CTAAAAAAGC						2710

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 CATTTTAATT GtTAAAAATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60
AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAGtATtGCC 120
GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180
50 GCCCTCACA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

	GGGTTACTTT	GATGAAAATG	ATTGAAGTTG	ATAGAATTA	TGACGTATCT	TGTGTATAAT	360
	ACCTACGAAG	TACTTTCATT	GGAGGAAAAA	TAGTGACTCT	ATTTATTATT	ATCGGGGTTT	420
5	TCGTGCCAAT	GGTTTATACC	ATGCAGTTAA	ATATTAAAAA	TGAACCTGTa	ACAAAGCGCA	480
	ATCTTTTAAT	AACATTAGCT	TTATCTACGT	TAGGTATTTT	AGTAACCGCG	TTAGCAGGTG	540
	TAATCGTTAC	GAAACAAGCT	TTTCCTTTAT	TAAGTGTAGC	AATTGGCTCA	ATTTTACTG	600
10	GAATCGTTTG	GGGCCTTTTA	CTAAGTGGTA	GcTACGCGCT	GATACGATTT	TTATCTAACG	660
	CATTTGGGCG	TAAGTAATAG	TAATCTGTTC	ATCAAGTAGT	ATCCGTGCTT	GAAAACAAAC	720
	TAAAACCTCT	AATGTGGAAC	TAGTTAAAAA	ATTCTAAACT	AGTACATTAG	GAGTTTGTGT	780
15	ATGCAGAATA	AATTTAATTG	TTAAATTGAA	AGTGCGGTAA	AAATCCACTA	TTTATTTGAA	840
	AAAAATCGAG	CAACCAAATT	AAACCTTGAT	ATCCTAAGTA	AATACATAAT	AAAACAAGTC	900
	CGACATAAAT	TAAAAATCGC	AAAATAGAAA	GTCCAACCTCT	AAAAAGGAGG	ATGACTAATA	960
20	GTGCTATTAA	AATAATTGTT	AGTATACTCA	ATGCTACAAA	CCTCCTArTA	CGCTTTTAAA	1020
	TCCATAA						1020

25

- 30

35

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

10	TGGACCTATA	AAATGGATGC	ATCCAAATAT	GGATGnGGGG	TAnGGCGGGa	AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA	AGTCATTTAA	GTCGAATAGC	CATCCTTTTT	AAAAAGAAA	AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT	TGTTAAAGCC	TTTAAATAGC	GTCGTTACGC	AATTTTAGAA	TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT	TTCAAATTAC	GTGCTAAAGC	TTGAGATATC	AATATTTATT	GGCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA	CTCCGCTTAC	ATCTCAGTTT	TATGTTTGTA	ATTTGGTAGC	ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA	AATTGTTAAT	CTTTAATTTT	AGTATAGATA	TTTTTACGTG	TAGTCACGTG	360
20	TAAAATAAAT	TCAATTAGGT	TAGGAGACAT	AATTATGAAA	ACATTTGGTA	AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA	GATGGATCTG	TAGGATCAAG	CTATGCCTTT	GCAATGGTTA	CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA	TTTGTAATTA	TTGACATTGC	AAAAGACAAA	GTAAAAGCAG	ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT	GGTACAGTCC	ACAGTCCTTC	ACCACTTGAT	GTGAAAGCAG	GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAAA	GATGCAGATT	TAGTTGTTAT	TACAGCTGGT	GCACCTCAA	AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA	CAATTAGTTG	AAAAAAATAC	TAAGATTATG	AAGAGCATCG	TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT	GGCTTTGATG	GATATTTCTT	AATCGCGGCA	AACCCTGTAG	ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA	AAAGAATATA	CTGGATTACC	AGCAGAGCGT	GTTATCGGTT	CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT	GCACGTTTAC	AATATTTAAT	TAGCCAAGAA	CTTGGTGTTG	CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT	AGTATTATTG	GCGAGCATGG	TGATACTGAA	CTTGCAGTTT	GGTCACAAGC	960
	AAATGTAGCA	GGTATTTTCAG	TATATGACAC	ATTAAGAGAA	CAAACTGGTA	GCGAAgcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA	ATTTATGTGA	ATACACGTGA	CGCTGCTTAT	GAAATTATCC	AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC	TATGGTATTG	CATTAGCATT	GATGCGCATT	TCAAAGCCA	TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT	GTCTTAAATG	TTTCTATACA	ATTAGATGGT	CAATATGGTG	GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA	GGTGTACCAA	CATTAGTTAA	CCAACATGGC	GCAGTTAAAA	TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT	GCCGAAGAAC	AAGCGTTGTT	CGATAAATCT	GTTAAACAT	TAGAAGATAC	1320
	ATTTGATTCA	ATTAATATT	TATTAGAAGA	CTAAGCCTAT	TTAAGTATT	AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG	TAAGAGGATC	TATTAGTGTT	GCAGTAACAC	GTGGCACTGA	TAGGTCCATT	1440

EP 0 786 519 A2

TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG 1560
GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACmA CGAGGAATAA CTATAGGGaG 1620
5 ATGGTTTTGG AATGACGaTg TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG 1680
CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC 1740
AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC 1800
10 GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAAAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT 1860
AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA 1920
CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAAAT TTATGGCACA 1980
15 TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT 2040
GATTTCAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA 2100
TTTTTTACAC CAGAAITATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG 2160
20 GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT 2220
GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCCCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT 2280
AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT 2340
25 ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT 2400
TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG 2460
30 TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA 2520
TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATT 2580
CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTCTT GAAAAGTTTA 2640
35 ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGGTACGTA 2700
TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC 2760
CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT 2820
40 CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC 2880
GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCCTAACAA CATCGCCTTT CTTTTGACCA CTTATATAGA 2940
CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG 3000
45 CTAAAATGAT GAGCGTGTC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA 3060
GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC 3120
CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTGG 3180
50 CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG 3240
55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 796 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

AGAACGAACC TTAAATACGT ACGTGTGAC CACGAACTGT CATGACAAAT TGATAAAACG 60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTKTCACCTT TAATCACAGC 120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA 180
AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC 240
GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC 300
TGTGCTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC 360
ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCTCCTTC 420
AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTGCGCCAT CATTTTGTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT 480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC 540
TTCTTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT 600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA 660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT 720
CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG 780
TCGACTAATT CTATAA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 3393 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT 60
TGATAACITT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA 120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAACTTTT CCATTCTGT CTAAAATACG 180

1327

	ATGTGAGCCT	TGTGCGATTT	GTAAATAAACC	TAAACGTAGT	ACTAGTACTG	CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA	CCAAATATAA	AGTTAATTCT	CTTGTTAATT	GTATTTTGAA	CGATTTCATC	360
5	ATTTGATTTT	TCTTTTAGTC	TTTTTAACAA	AACACTACCT	CTCTATTCAA	AGTCTTTTAC	420
	TTTAAATCAT	ATATGAATTT	AGAAATTATT	TCTATCTTTT	TGACAAAAAA	ATAACGGTCT	480
	CATTGAAGAG	ACCGAACAAG	TAATCATACT	TTATTTTGTT	GCATTATATA	ATTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCCAG	TTAACTACAT	TCCAAAATGC	GCCAATGTAG	TCAGGGCGTT	TGTTTTGATA	600
	TTTLAGGTAA	TAAGCGTGTT	CCCATACGTC	TAAACCTAAA	ATAGGTGTTT	TACCCCTCAGT	660
	TAATGGATTA	TCTTGTTTGG	GTGTAGTCAC	AATTTCTAAC	TGGCCATTGT	TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA	CCTGAACCAA	AGCGTGCAGC	TGCTTTGTCA	GCAAATTCTT	TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA	CCCCATTGTT	CTTTAATTTT	TTCTACTACA	GTACCTTTTT	CTTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT	AACTCCCAGA	ATAATGAATG	GTTTAAATGT	CCACCGCCAT	TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG	ATGTTAGCTG	GTACACTGTC	TAAATTAGCA	ACAATTTCTT	CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA	TCTGTACCTT	CTACTGCAGC	ATTTAATTTT	GTAACATACG	TGTTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG	TGAATTTCCA	TAGTTTCTTT	GTCAAAATGT	GGTTCTAATG	CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT	TTTGGAATTT	CAAAAGCCAT	AAATAATCAT	CCTCCTAAAA	TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA	CAAGCAGTGA	CTGGTTCAAC	AAAGAATTTG	CTTAAATTCT	ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA	CTCAATTAAAT	ATAACTCAAA	TCAAAAATAA	TTAAACATTT	TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG	ATTTGCCATA	AAATCATACG	AACGGAGTAT	GAAATGAACC	TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA	AAATGAGATT	TATGCATACA	TCGGACCAAA	TGTGCATAAA	TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAAT	CTTGGCAAGA	CTCACATACA	CCATAAACTT	CAAGTTTGTT	TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG	GTAGTGATAA	TTTTATCTGA	TCTATTGGAC	AATAATCTAT	TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT	TTTCACAGAT	AAAATGATGA	TGATGATGGT	TTGTACAAGC	GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC	CATCAAGTTC	TGTATTTTCA	ATAATTCCTA	AATCTTTAAA	TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA	TTGTGTGCAA	TGAAATTCCA	GGATAATTTT	CATCCATAAC	TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT	TTATATACTT	ATCTTCTTCG	ACAAAAATAT	CTAACATATC	TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT	TTAAACCGTT	CTCTTTTAAA	ATTTTAATAG	CATCATTTGT	ATTCAATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC	TTTTTAAACT	TCATTGCGAT	TTTCTGATAA	GCCATTGTAA	TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT	AGAACTACAA	TTACACCACC	CGGAGAAATG	TCCATATAGA	AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT	ATTACTGATA	ATTCACCTAA	AAATACACTT	AGTAATATCA	ATTGCTTAAA	1980

EP 0 786 519 A2

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCAGAAAG TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 30 TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTGTGTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 35 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGctAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1123 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

EP 0 786 519 A2

	CCCTGTTTCT	TAGCCTTTTC	GTATATGCGT	TCATAAGAAG	AATTCTTTTT	GATTTCAGAT	120
	TGTAAAGCAC	TGTTTTCACT	TGATTGTTTA	TCTATTTTAT	AATCTAAATC	TGCAATCTTT	180
5	CCTCGCGTAT	CATACGCATC	CATTTTTTAA	GATAGCATAT	AAATACTTAA	CATAGCAATT	240
	ACAGTAATCA	AAGTTATGTA	TAAAACTTTT	TCAAATTTAG	TTAATTGTAC	AACCACTTTT	300
	CTCGAAACAG	TCCTCTTTTC	GGGCTTAGTT	TGTGGTTGTT	GCTTCGGTAT	ACTATTATAA	360
10	ACTTGTTCTG	CATATGGTTG	GTACACTTTT	TCTACAGCCA	TTATAAATTG	CTCCTTATTT	420
	AAGTATTTCA	GCTACACGTA	ATTTTCGCGT	TCGTGCTCTG	TTATTGTCAT	CTAAATCTTC	480
	TTCTGTAGCG	GTAATCGGTT	TACGATTAAC	ACGCTTTAAC	TTAGGTGTAT	ATGCTTCTGG	540
15	TATAACTGGT	AATCCTCTTG	GTACCTCTGG	ACCTTTTTCA	TATTCTTGGA	ACACCTGTTT	600
	ACATAAACGA	TCTTCTAAAG	AATGGAAAGT	GATTACCGAA	ATCCTGCCAT	CTACTTTTCA	660
	TAATTCAATC	GCTTGTTCTA	TTGAATCTTC	AAAAGCTGAC	AATTCATCGT	TTACTGCAAT	720
20	TCGTAGTGCT	TGAAATACTC	GTTTTGCAAG	ATGTCCGCCT	TTCTTCTTTG	CTTTTGCAGG	780
	AATACCTTCT	TTTATAATGT	CAACTAATTC	TAATGTTGTT	GTTATTGGTT	GTTGTTTCGG	840
25	ATGTGCTTCG	ATTCTTCGAG	CTATCTGTTT	TGAAAATTTT	TCCTCGCCAT	AGCGATAAAA	900
	AATCTTCACT	AACGCTTCAT	ATGACCAATT	GTTAACAATT	TCATATGCTG	TTAGTTCTTG	960
	TGTTTGGTCC	ATACGCATGT	CTAATGTTGC	GTCATGGTGA	TAACTGAATC	CTCGTTCTGG	1020
30	AATGTCGAGT	TGTGGGCTTG	AAACACCCAA	GTCGTAATAA	ATTCCATCTA	CTTTTTCAAT	1080
	GTTTAAGTCT	TTTAATATTT	GAGTTAATTC	ACGGAAGTTG	CTA		1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 838 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

45	TATATCCTCC	AnACCATAAA	AATGGAATTA	TAGTGAAGAC	CGCTATGATC	CAGGATGACC	60
	ACGTATTATA	GAATCTTTCg	ATAGAGAAAC	GAATCaACGT	ATCCgACATC	aCGAAATGAA	120
	ATTAGAAGAT	TATAAAGATG	AGTTAAGAAG	AGAATATCTA	AAACAATCTG	ACAGAATTGA	180
50	AGGAGATGAA	TAAGCGTGGG	ACTTGATTTT	AGTGGTTTAC	CAGATTTAGC	AGTATTGGAA	240
	CAAATGAAGG	AAAAAGAACA	GATTAGTGAG	GTTATTGCGC	CTGAACATGT	TCGTATGCAT	300

EP 0 786 519 A2

CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT 420
 GCCACAGACG AATTAAGAAG TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA 480
 5 TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT 540
 AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT 600
 CGGACTAATG AATTCAATAA TGGGAAGTTAA GCAACCAATC TTGTGTTAAC TTCTTTTITA 660
 10 TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA 720
 TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC 780
 15 TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT 838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1150 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

nGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG 60
 TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT 120
 30 TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG 180
 CTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC 240
 35 CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTTAAATCTG 300
 GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA 360
 TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTGTA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT 420
 40 CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA 480
 TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT 540
 GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC 600
 45 CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT 660
 ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCCAC GATATAGTAC AATACAATAC 720
 50 CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA 780
 CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTGA 840
 ATTGATTTCa AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT 900

55

EP 0 786 519 A2

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAAC ACCTACATCG 1080
5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTaCA 1140
GGtATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 797 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300
AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAATTAG 360
30 CATTTGCCAA ACAAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480
AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nCGGAAAAA 780
TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1466 base pairs
50 (B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

```

TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCAATTCG      60
ATGATTTTCGK CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TGCGTATTTTC      120
5 ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT      180
AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT      240
CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG      300
10 CTTAATAATT GcTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG      360
CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTGTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA      420
15 CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT      480
TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT      540
GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA      600
20 GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG      660
TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT      720
CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT      780
25 CCTAGAGAAA TG GTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTG      840
ATTAATGAGC TTAATTA AAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTTATATCA      900
30 TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT      960
AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT      1020
GCTAACAAAG AAGCATTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA      1080
35 GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG      1140
TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTAAACAGCG      1200
TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT      1260
40 AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT      1320
AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT      1380
GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT      1440
45 AAAGATATGA TTCATTCTC AATGAC      1466

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

```

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
    (A) LENGTH: 2304 base pairs
    (B) TYPE: nucleic acid
    (C) STRANDEDNESS: double
    (D) TOPOLOGY: linear

```

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT	ACAAAGTTGC	ATTAATATAG	AATCATTTAT	GCTTTTAAAT	ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA	AACTAGCTAA	AATAGTCAAA	ATTGGAATCA	AGATTACATA	AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA	TTAGTATACA	TAATATAATT	AGCGACCCTA	TTATAATTGC	TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA	TTTTATATTT	CATTTCAATT	CCCACCTTAA	TAGCATTTAT	TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC	ATAGACTTCT	TAACAAACTT	TAACCCAGCT	AAGCTAAGTA	TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT	AATATAAATA	TATTACTTAA	GCTTAGTAAA	GGTATAATTA	TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC	AATGTATCCG	CTGcATAATT	CGaTGtAGAT	GAGATACTAA	ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA	TTTGGCGTTT	TTATTTGAAT	GGCAACTGAT	CTTGTTAGTC	CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT	CCCAATAATG	TTGCACCTAT	ATATAATATC	GCCACACTTG	GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT	AAGCCAATTC	CCCAAACTAA	AACACCAATA	CTAAATTTAA	AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC	AGCAAACCCA	TAATCAATGA	CATTAATAAA	GATGCTATAC	CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT	CCATATACAC	CAACGCCCTC	TTTTAATATA	TTGGAAATAA	ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC	CAAAGGCCAG	TATTAATCAA	TATGCAGGCA	AATTGGATGA	TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT	TTAGATTGTT	TCAAGAATTC	CCAAGTTTCA	GAAAAATCTT	CTTTTGAGTG	840
	TCTATCAATC	ATGTTGTTAT	TTGTATATTT	TAAAAGTGCA	TTAAAAATAA	ATCCTAAAAA	900
30	TAGCAATATA	CTACAAATAA	AAAAGACGCC	AACATTACCA	ACTAGTATTA	CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA	GGTAAAATAA	TATTTGAGCC	TCTTTGCAAA	CTATCGATTA	ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA	TGCTCCTCAT	CAATAATTTT	AGGAAGAATT	GCCCTAAACG	CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA	ATAATGGTGA	TAGCTGTAGA	TATGGTTAGA	AGCGTCAGAT	AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT	GCAAGTAAAG	GAATAATTAT	TATAATCAAA	CTTAGTATAA	GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT	TTCTTTTTAT	TATGTTTATC	AGAATATGCG	CCACCGAAAA	TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA	AGTGTTTGAC	TCATAACCAT	CATTGATAAT	TTTAAAGATG	ATTGGTTTGT	1320
45	CAATTCAACA	GTAAACCAAA	TTATTTGTAA	CGAAAACAGC	ACAAAACAAC	TCCGACGTAA	1380
	GAATTACCA	ATCAATAAAT	ATGTAAAGTT	TCTATTTTTC	AAAACCTCTA	AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC	TCTCATAAAA	ATAATTGAAT	GCATCCACCA	GCTTTTTTAG	ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT	TATCCAAAGC	GCAATTAATT	CTAATATAAT	TTAGTCAGTT	AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAAA	TATACATACT	ACTTGAAACA	CCATACATAA	CCCCCAAAAT	GACTACTCAG	1620
55	AGGTTATATT	CTACTAATTA	TGATTATATT	AAATATGAAA	ATATTATCAA	AAAAATCAAA	1680

EP 0 786 519 A2

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTT ACAAACATAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220
15 AATGGGkTCA CTGTGAWTGG TGkTGTGAWT GTCyTACTTC CTGGkTGTCC TTCTTGTTTC 2280
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304
20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:
30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
35 GATTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
AATGAGGAGT TTAATCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTGTCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTAAATATG 360
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTCTGAcGT AAAAAACAA 600
50 ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGAATATGG 720
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780
55

EP 0 786 519 A2

	TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGrTTTAA GAGTGTATC AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT TGAAAGATTC TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC TGGTGTCTTCT ACTTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAAGCTT CTATCATTTA TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTCATC TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAATAATTT	1500
	TGATAAACAT CATTAAATTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaA TATAAATGAC TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT	1680
	GGTATCCGG GTGCAAAGAT TGAATATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA	1740
	CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCCTG GTGTAAGTAA TTAACTACT	1860
	GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAATAA	1980
	TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA	2040
	TGCAATTTCGA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT TCACCAGTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAAAAATG CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA	2580
55		

EP 0 786 519 A2

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
15	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAACATAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTT AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAACCTGAA ACGTATGTCA AAGGTTTCAGT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTCTACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

EP 0 786 519 A2

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGAAGATAA AGTAAGTTCG 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTAACTT 240
 30 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATTT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTKc 540
 GTACCACCTA TATAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCTGGG AATACCATAT GGTCTTTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960
 TTGGTTGTG TTCCACCTAc TAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTAca 1080
 55

EP 0 786 519 A2

	TCGAATGAAA	TCACTACATT	TCCCCCTAAA	ACTAATATCA	ACATTTTAAT	AAGATAAAACC	1200
	AATTTCAAAA	CTAGTTTCGAT	ATTTAAAAATG	TATTATGGAT	GGnTAAAGTT	TGTATCGCAT	1260
5	TATCGCGAAG	TTGnATAAAAT	ATAT				1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1072 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEO ID NO: 435:

	ACAGCTTTTG	GTAArGGAGA	AAwTCAaTAT	GAAACAGTAT	AArGCGTATT	TaATCGATTT	60
20	AGATGGCACA	ATGTATATGG	GAACAGATGA	GATTGATGGA	GCAAnAaCAAT	TCATCGATTA	120
	TTTAAATGTA	AAAGGCATTc	CTCATTTTATA	CGTAACTAAT	AATTCAACAA	AAACACCTGA	180
	GCAAGTAACT	GAAAAATTAC	GTGAAATGCA	CATTGATGCT	AAACCAGAAG	AGGTTGTAAc	240
25	GTCAGCGTTA	GCCACTGCTG	ATTATATTTC	AGAACAATCA	CCAGGAGCAT	CAGTATATAT	300
	GTTAGGTGGG	AGTGGTTTAA	ATACTGCGTT	AACCGAAGCG	GGACTTGTCA	TTAAAAATGA	360
	CGAGCATGTT	GATTATGTAG	TTATTGGACT	TGACGAACAA	GTTACATATG	AAAAGCTTGC	420
30	GATTGCAACG	TTAGGTGTAA	GAAATGGtGC	AACATTTATT	TCTACAAATC	CTGATGTATC	480
	AATTCCTAAA	GAGCGTGGTT	TATTACCTGG	TAATGGTGCT	ATTACAAGTG	TTGTAAGTGT	540
35	ATCGACAGGT	GTATCGCCAC	AATTTATTGG	TAAACCAGAA	CCGATTATTA	TGGTTAAAGC	600
	ATTAGAAATT	TTAGGATTAG	ATAAATCCGA	AGTTGCTATG	GTAGGCGATT	TGTACGATAC	660
	CGATATTATG	TCTGGTATTA	ACGTAGGTAT	GGATACGATT	CATGTACAAA	CAGGTGTATC	720
40	TACGTTAGAA	GATGTGCAAA	ATAAAAAATGT	GCCACCAACG	TATTCTTTTA	AAGATTTAAA	780
	TGAAGCAATA	GCTGAATTAG	AAAAATAGAT	ATAGTCATTT	TATAAAGTAG	GTGAATTGAT	840
	TTGGTAAAAA	TAGTTGTTTC	GAGGAAAATT	CCAGATAAAT	TTTATCAACA	ATTAAGTAAA	900
45	CTTGGTGACG	TTGTTATGTG	GCAAAAATCA	TTAGTGCCTA	TGCCTAAAGA	TCAATTTGTG	960
	ACaGcCtTCG	TGACGCAGAT	GCTTGTTTTA	TTACATTAAG	TGAACAGATC	GATGCAGAAA	1020
50	TTTTAGCGCA	ATCACCAAAAT	TTAAAAgTAA	TTGCGAATAT	GGCTGTAGGA	TA	1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 3271 base pairs

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATT TG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATAC TTGA AACTTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGC GT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAAC TTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTTCA TTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGT TT GGATAGATTG TAAATATT TA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGAATAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

EP 0 786 519 A2

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740
 5 GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100
 TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT 2220
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGCACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAA TAATGCAGCA 2460
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAGTTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCCTGTA 2580
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700
 35 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760
 GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880
 40 TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180
 50 ATATkTCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAtC AATAGATTct GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240
 wTGaCGwATg CtTAawACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10 ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTAtCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT 60
 AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT 120
 TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG 180
 15 ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT 240
 AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC 300
 TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA 360
 20 TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT 420
 GAGTtCACAA AAAAgAAAA TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT 480
 ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA 540
 25 CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTC 600
 CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG 660
 TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT 720
 ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA 780
 TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA 840
 35 ACAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT 900
 TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AACTTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA 960
 ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA 1020
 40 TACGaTGGTG TTAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC 1080
 TTAACaAAAG TATTAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGAwTATTAT 1140
 GGGGTGGcAA rGAAGAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA 1200
 45 ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAGTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG 1260
 AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT 1320
 50 GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA 1380
 TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC 1440
 AAATCTGATG TCATGCACGG TGA CTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA 1500

55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1419 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG 60
AAACAGTTGG CATTAAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAAcGtTgA GATTTATACC 120
ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTTAA 180
CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC 240
AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTCG GcMAGTATGA 300
TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAtTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT 360
AGAGAAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC 420
GCTTGGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA 480
AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTTAAAGTGC CTAAAGGTAT 540
TGAAGATCAT TTGTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA 600
CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA 660
AGATAATGGT AAAGGTTTAA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA 720
TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC 780
AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG 840
TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC 900
AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC 960
ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG 1020
AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAC TAGTT 1080
TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA 1140
AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AAcTTCTAGA GGAGAATCTG 1200
TTTTTGAACC GGAAGTTTAA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT 1260
ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA 1320
ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA 1380

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60
TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120
ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180
CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240
AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300
AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360
ATGTCGATTT AAATGTAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420
ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAAA AATTTTTGGT TGGyTATTTT 480
TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540
CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600
GTCCAGTG 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT TCTCCCAaG TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60
AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120
TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTCACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180
AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240
ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300
GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

EP 0 786 519 A2

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2574 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTC 60
 ACGTTCAATT AATCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTCAC 240
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420
 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480
 35 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540
 ATCGATACTT ATTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

	AAATTCCTTTA	TAGACTGATG	CAAATCTAAC	ATATGAAACT	TGATCAACAT	GCATTAACAA	1200
	GTTCATAACG	TGTTACACCTA	TATCTCGTGA	AGACACTTCC	GTATGACCTT	CATCTCGTAA	1260
5	TTGCCATTCA	ACCTTGTTAG	TTATGTCTTC	AAGTTGTIGA	TATCTAACTG	GTGTTTTCTC	1320
	ACAAGAACGC	ACAAGTCCAT	TAAGTATCTT	TTCTCTTGAA	AACTGCTCTC	TTGTGCCATC	1380
	TTTTTTCACA	ACTATAAGCT	GACTAACTTC	GATATGTTCA	AATGTAGTGA	AACGTGTTCC	1440
10	ACAATTTTCA	CATTCTCTTC	GTCTTCGAAT	GGCATTTAAT	TCATCGGCAT	GCCTTGAATC	1500
	TACAACTTTA	GATTGTGTAG	AATTACATTT	CGGGCATTTC	ATTACATCAC	CCTCTTTATT	1560
	TTGATTATGC	CTAATTATAC	TATAAATCTA	GAGATGAAAA	AAGAATCCCT	CAATTTAATT	1620
15	CATTTAACCA	AATAATGAAA	CAATAAAAAA	CATTATATCG	TTACTTATTA	AGTAATTGTC	1680
	ATGACAATAT	TATTGTATTA	AAAATAAAAA	ACCTAACTCC	GAAGTCAGAG	TTAGGCTATA	1740
	AATTAATTGT	ATTAACCTGC	ACTTACAGTT	TCTTTTGATG	TCAAAAGTGC	TCCAATTTGC	1800
20	TCAGCAACAT	CTACAACTCT	ATTTGAATAA	CCCCATTTCAT	TATCATACCA	AGCAATAACT	1860
	TTTACTTTAT	TCCCTGACAT	GACCATTGTT	GATTTTGCAT	CAATAATAGC	TGAATTTGGA	1920
25	TTAGTATTAA	AATCAACAGA	CACTAGTGGT	TGATGTTCGA	CTTCTATGAT	ACCTTCTAAA	1980
	CCTGCATTTT	CAAAAGCTTG	GTTTACTTCT	TCTGCAGTTA	CTTCTTTTTT	TAAATCAACA	2040
	ACTAAATCAA	CGAGCGATAC	ATTCTTTGTT	GGTACACGTA	ATGCCATGCC	GTGTAATTTA	2100
30	CCTTCTAATT	CTGGTAATAC	TTCTTTTAAA	GCCTTCGCCG	CACCAGTAGA	AGTAGGAATA	2160
	ATGCTTTCAT	TACATGAACG	TGCACGTCTT	AAATCTTTAT	GTGGATTATC	AATATTTTTT	2220
	TGGTCATTTG	TAATAGCGTG	AACAGTAGTC	ATTAACCATT	TAATATTCC	AACTGATTA	2280
35	TTTAAACTT	TTGCAACTGG	ACCAATGCAA	TTAGTAGTAC	ATGAAGCATT	ACTAAAAATG	2340
	TCAAATGCTT	CTATATCTAA	TTGGTTATCA	TTTACGCCCT	TAATACCAT	TTGAACATGT	2400
	CCACCTTTTG	nAGGACCAGT	TAACAAAAsT	TTTtTGGCAC	CTGCTTTAAT	ATGTGCGATG	2460
40	GCTTTATCAC	CATGaTTAAA	TTTACcAGTT	GCATCTATAG	CAATATCGAT	ATCTAATTCT	2520
	TTCCATGGCA	AGTTTTTCAGG	ATTGCGATCA	GCAACCAATT	TAATTTTATG	ATCT	2574

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3326 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	CAAGGTACCG	GTTTAGGTTT	GTTTCATTTGT	AAAATGATTA	TCGAAGAGCA	TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA	AAAGCGAATT	AGGGAAAGGC	ACAACATTTA	TTATTAAACT	ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT	GAATATAGTT	ATTTCAGAAC	GCATGTTATT	GATTAGAGAC	TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT	TTTTGATTGA	TGTGGGGAAT	TTTGTATGTG	GATTAGAACT	TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA	ACTATTAAAT	ATATTACTAA	TTTATACAAA	AATATAAAGT	TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG	ATTATAAAAA	TAGGGTAAAA	TATAGATATA	TTGTATTAAT	TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT	ATGAAAAAAT	TCATTGGATC	AGTTTTAGCT	ACGACATTAA	TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG	ATGGAAGGAT	AATCAAAAAA	AGACACAAAA	ACAGAAACAA	AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG	GAAGCTTCAA	AATATGTAGG	CCAAGGCTTC	CAACCGCCTG	CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA	TTTGCGAAGA	AGCATCGTAA	AGAATTTGAA	AAAGTAGGTG	AACAATTCCT	600
20	TAAAGATAAC	TTTGGAATAA	AAGTTAAAGC	TACAAATGTT	GTAGGTAAAG	ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT	GTGCATTGTG	AAGATCATGG	CATTGTATTT	AATGCAAGTC	TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC	ATCCATCAAA	AAGGATCAAT	GCGCAGTAAT	GACAATGGTg	ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG	GGTACAGTGC	TGAGTGGCTT	TGAATATCGA	GCGCAAAAAG	AAAAGTATGA	840
	TAACTTATAT	AAATTCTTCA	AAGAAAATGA	AAAGAAATAT	CAATATACAG	GCTTTACAAA	900
30	AGAGGCAATT	AACAAGACAC	AAAATGTCGG	ATATAAAAAT	GAATATTTTT	ATATTACATA	960
	CTCTTCTAGA	AGTTTAAAAG	AATATCGAAA	GTATTATGAA	CCACTGATTC	GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT	AAAGAAGGAA	TGGAACGAGC	AAGAAAAGAA	GTGAATTACG	CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT	GCTACACTTT	TTTCTACTAA	GAAAACTTT	ACTAAAGACA	ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC	GAACATAAGT	ATAAATTATA	TAATTTAAAA	AATAAACCAG	ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA	CAAATAGGGA	AACCCACTAT	TAATACTAAG	AAAGCCTTTT	ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA	GAATATGGGG	TGCACAGTAA	AGATGAATAA	AATTAATGAT	AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG	TAGTTACTGG	GTTTATCAAA	ATATTGATAT	AAAAAAAGAA	TTTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG	GTTTAAACAA	GTAGACAGTT	ATAATGATGA	TAAGAATAGT	AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA	TATTAAAATA	TATGAGTTAT	TAGATGATAA	AAGTAAACCA	ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT	TTATCAAGGA	ACATCTAATG	AGGCAATTAA	TCCAAATAAT	CCATTAAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT	TGGAGATGAT	TGGCTCCAAA	ATGCTAAAAT	AATGAATAAT	GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA	TTTAAAGCAA	ACAGATCAAT	TATCAAATCA	ATATAAATA	AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG	ATTATCAAAT	AGTGATTTTT	TAAAAAATA	TAGAATGGAA	TCAAGTAACT	1740
55							

EP 0 786 519 A2

ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CT CAGCA ATGATTCCTT 1860
 ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGATAA TATGATTAGT TTTAATAGTA 1920
 5 CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG 1980
 TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA 2040
 AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT 2100
 10 CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT 2160
 TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTGATT GCACGTTCTG 2220
 GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TGC GTTGAGT AAAGT GATTA 2280
 15 CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA 2340
 TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGaa ACAATTATCA GAAGGATTTA 2400
 20 AGGATAAGAT TAACTTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA 2460
 ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT 2520
 TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAGG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA 2580
 25 AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA 2640
 ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG 2700
 TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG 2760
 30 ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA 2820
 ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA 2880
 AAATGAAAT ATTAAGAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC 2940
 35 AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA 3000
 CAATTCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAAGA 3060
 40 AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG 3120
 AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTAC 3180
 CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA 3240
 45 TGATwTGA ACCATCACAT TATGACGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG 3300
 TGTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG 3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5301 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAAATCATG CTCTTTCAAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAACGGA GATGTCATTC ACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTC GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
35	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTGTCCG ATTTATTGTA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTC AATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620
55		

EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTTA TTTAAAACAA TACCAACCGC TAAATCAATA TCATCCTCTT TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT AACATCATCG AAGCGACACC TATATCGTTA GAGACTAATT CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT TTAGCTTTAT ATTCAATTG ATATTGAGCT TGTGGCAAAC GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA GTTTCGTCGC CACCTTGGTT TTTAATAAAT GTTTTGAATT TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA TTAATTGCCT CAATTAGCAA CGCTCTCGCT TCTTCAAGCG TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT ACAACCATTG GAGAACCTAA TGTTAATACA AGTTCTGTTA AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT TTCAACGTAT CAATTGCTTC TTGTAAGTCA AGCGCATTGC CAATCGCACG	2100
15	TCCAAGTGGC TGATTCATAT CAGAAATAAT CGCCATCGTA TTACGTCCCA CATTATTACC	2160
	AATACGTACC ATTGCGTGGC CTAATGCTTC AGCATCTTCT AATGTTTTCA TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT TTTACATCTA ATACAATTGC ATCTGCACCA GCAGCAATCT TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG GCAATTAATG GTATTGAATT GACAGTACCA GTAACATCCC TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG TCTGCAGGAG TTAAATTTCC TGATTGTCCT ACAACTGCCA CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT TTCACAAATG TTGCTTCATC TATTTCACAA TGAAAACCAT CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA ATCGTACCAC CTGTATGACC TAATCCACGC CCACTCATTT TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA GCTGCTACTA ATGGTGCTAA AACCAATGTA GTTGTATCTC CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC TTATCTACTT TGACACCTTT AATATCACTC AAATCTATCA TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA GCCATCGTTA ATGCTGCACG CTCATCATCA TTCATATCTT GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT AAACCTGATG CTTGGTAATC AGGAATATCC CCTTTAACAT AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA ATTTCTTCCG TTGTTAGTGT ATGACCGTCA CGCTTTTTCT CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC ATTTTATCA TCCTTTTCTT AAAAAGCTTA GGACAAAGCA TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA TTTTAAAG CACAAGCGAA AATTATTATA GCAAGCTATC GATTTTCAATT	2940
40	TTAATATCAC AATTTCATG CGATGTTATT ATTCTTAAAT AGATTGGTTA TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA AATTATCTTA GAATCATCAT GGCATTTATG ATGTCTTAAA GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT ATATGGTTAC GATGTCCCAT GCTTACATAT TTTTATAAAA TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT CTAAACCTTG CATAATTG ACGCTGCGC TCGACCAAT ACGTGTGCGA	3180
	CCTGCTTCAA CCATTTTATT GAAATCTTCT AAATTACGTA CGCCACCTGA TGCTTTTACT	3240
	TCTATATCAG CACCTACTGT ATCTTTCATT AATTAAACGT CTTCTGCAGT CGCACCGCCA	3300
50	CCTGCAAAAC CTGTTGAAGT TTTAACGAAG TCCGCACCAG CCGCTTTTGT TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA TTTTCGTCATG GTCCAACAAT ACCGTCTCAA TAATCACTTT TACTGTGTGA	3420
55		

EP 0 786 519 A2

	TTTAATGCGC	CGATGTTGAT	GACCATGTCA	ATTTTCATCTG	CACCATTTTG	AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA	ATGCTTTTCGT	CGCAGTTGTC	GATGCACCTA	ATGGGAATCC	TATTACCGTA	3600
5	CAAACAAACA	CCTCTGAATC	AGCTAGTCGC	TCTGCTGCAT	ATTTAACATG	CGTTGGATTTC	3660
	ACACATACAG	ATTTAAAAATG	GTATGCTTTC	GCTTCATCGA	TGATTTGATC	GATTTGCGTA	3720
	CGTGTTGACT	CAGGCTTCAA	TAAAGTGTGA	TCAATCAATT	TTGCACTATT	CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT	ATGGTTGATT	ATAAAAATAC	GGTTGTAAAT	TAGTTGATTG	AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT	ATCAGGTTAG	ATGTTTCGCTT	TTTATGTAAC	CGCATACATA	TACTATTACA	3900
15	TTAATTCATT	TCCCATAAAC	AAACAATACA	ATTGAACGTG	ATATCTTCAT	TATGAACGAT	3960
	GACTTGACAA	CAAGCTAATC	AGGATTATAT	TTTTATAATT	CTTTAATTCT	ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA	AAAGGGAAAC	AAATGTTATC	TTAAAATTAT	TAATGAATAT	TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG	ACAAAAGGTA	CACCACATAT	TCAACCAAAT	GGAGTAAAAA	TTGCTAAAAAC	4140
	AGTATTAATG	CCTGGCGATC	CGCTACGTGC	AAAATATATT	GCTGATAATT	TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA	TTTAACGATG	TACGTAACAT	GTTTGGTTAC	ACTGGTACAT	ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT	GTAATGGGTT	CTGGTATGGG	TATTCCAAGT	ATTGGTATTT	ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC	TTCTTTGATG	TAGATACAAT	CATTCGTATC	GGTTCTTGTG	GCGCATTACA	4380
	AGAAAAATGTT	AACTTATACG	ATGTTATTAT	TGCACAAGCT	GCATCAACTA	ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA	TACAATATTC	CAGGTCATTT	CGCGCCTATC	GCTGACTTCG	AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA	AATGTCGCTG	ACCAAATCGG	TGCTACTACA	CACGTAGGTA	ACGTATTATC	4560
	TTCTGATACA	TTTTACAATG	CCGATCCAAC	ATTCAATGAT	GCTTGGAATA	AAATGGGTAT	4620
35	TTTAGGTATC	GAAATGGAAT	CAGCTGGTTT	ATATTTAAAT	GCGATTCATG	CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT	ATTTTCACAG	TAAGTGATCA	TATTTTACGT	GACGAAGCTA	CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA	AATTCATTTA	CACAAATGAT	GGAAATCGCT	TTAGAAATCG	CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT	GACTTTAATT	GCTCTTTAAC	AATGCGATTA	AACTCAAAAA	GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA	TCCCCATTTA	TGTGTTGGCT	TTTATTTATA	TTATTACTTA	TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA	AGATTTAAAC	ATCCAATTAT	GTTTATCTAC	TGATGTTTGC	ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC	TGATACATCA	TCGCCAGCAT	TACCAGCAAT	TTGATTGCG	TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT	ATTTGTGAAG	TCTGTGATA	ATCTTCAAC	CATTTGTTCT	GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC	TTCTTTAACA	ATTGATTGCT	CTAAGCATTC	AGTTAATGTA	CCTACAGGGT	5160
	TTCTCCTAC	CGCTAAAATT	CTTTCAGCTA	ATTCGCTTAC	ATATTGGCTT	GCTTCATTAT	5220
55							

EP 0 786 519 A2

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 11466 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATAACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
35	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAAACG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAC ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAaATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

55

EP 0 786 519 A2

CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG 1440
 ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACTGTGG AAGTGACGT 1500
 5 GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT 1560
 TATCACCAGC TGAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT 1620
 TCGCTTCTTT AATCGT TACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGACTA 1680
 10 CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT 1740
 AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTGTGTAACC 1800
 15 AGCTTGCGTC TTTGCGATGA CCACTAGcTG TCGCTT TACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT 1860
 TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT 1920
 TGTGT TACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT 1980
 20 GATTAATATG CTGTTGGCTT TGA CTGCTG TGTA GTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG 2040
 GATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTGTCATT TTTTGATAA CAGTTATAAA 2100
 AATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA 2160
 25 TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT 2220
 AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTGACAT TTGTGTATGT GCTGTGTTGG 2280
 TGTTTGTGCT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AAsCCATCGT 2340
 30 TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT 2400
 TAGTTTTCAA TAAACTGTA CTGCACATAC TAAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT 2460
 TAATTCTCAT TTTCCAAC TAATAATATC CCGAAATGTT TTAATAAACT CATTACATTG 2520
 35 TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC 2580
 CTTTTATAAA TTTTCAAAAT TAACAAC TAA TCGTTCGTCC ATGTTTCGCGA TTCAACGCTA 2640
 40 ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAAA TTCCATTATC AATCGCTATT 2700
 GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTAAAAATC GTCATATCTT 2760
 TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT 2820
 45 TAATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT 2880
 CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG 2940
 CATTCAATTA ATCCATTCTT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA 3000
 50 TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT 3060
 TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA 3120
 55

EP 0 786 519 A2

CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT 3240
GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT 3300
5 ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT 3360
ATCCCAAAT CCATGTCACA ATTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG 3420
TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT 3480
10 TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT 3540
GCGTTTGGCC TGTCTGCGCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCAGTCTG 3600
15 GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA 3660
AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT 3720
AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTCACTTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC 3780
20 AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT 3840
GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCAC TTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA 3900
TTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT 3960
25 ATTGCGATTA TGTTGTCTGC ATTAACATAT TGGTTGTTG CACAATCATT TATTAATATA 4020
GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT 4080
TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA 4140
30 GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTGCATC TCTTCTATTA 4200
ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA 4260
35 GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA 4320
AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT 4380
ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCGGA TGGCAAACGA ATTTTCATCAT TAGTATAGTC 4440
40 ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAAGTAAG TCAACATAGC 4500
CACCCTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT 4560
ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTTGGTTTA GTACATTTTC AATCATTGT 4620
45 CTGAGCATTT TTATCaTCAc TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA 4680
CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC 4740
50 TTGTTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC 4800
CTTGGTTTAt CAgcTGCgCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT 4860
GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC 4920
55

EP 0 786 519 A2

TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA 5040
 GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA 5100
 5 GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT 5160
 ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA 5220
 TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA 5280
 10 AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT 5340
 AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA 5400
 15 ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT 5460
 CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG 5520
 AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG 5580
 20 ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTCAACAA 5640
 TTTTCATTAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA 5700
 GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA 5760
 25 ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA 5820
 GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC 5880
 AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA 5940
 30 GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC 6000
 GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT 6060
 35 TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA 6120
 TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC 6180
 TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAAACGTAT CACCAAAGTA 6240
 40 ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACAAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC 6300
 TTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG 6360
 CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC 6420
 45 ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT 6480
 TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT 6540
 TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC 6600
 50 GTATACTTCA GACGTCTGTT TGAGACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA 6660
 AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA 6720
 55

EP 0 786 519 A2

	TGGTGTATCA GTTACAAC TGTCACATAT TTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAACGTAC ATGCTGTTT AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAACTA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCC TTAGCGTTGC TTAAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
35	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGG ATTCCGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGTA CTTCTGTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTCAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520
55		

EP 0 786 519 A2

AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTTCTT 8640
 TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC 8700
 5 TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT 8760
 AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT 8820
 AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAATCA 8880
 10 GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA 8940
 ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA 9000
 15 ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC 9060
 CAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT 9120
 AAACAATTGA TTTTCATCGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT 9180
 20 AACTTAGCTC ACCCATTAAG TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT 9240
 AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTACTTTTT TAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC 9300
 ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA 9360
 25 AGATATGCAC AACCAGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAGC ATTCGGCGGA 9420
 GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT 9480
 ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT 9540
 30 ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT 9600
 GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA 9660
 35 CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtTGACAA 9720
 TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG 9780
 ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC 9840
 40 GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT 9900
 GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG 9960
 ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA 10020
 45 GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT 10080
 GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA 10140
 50 GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATCCTCT ACTAGAAGAA 10200
 GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG 10260
 CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT 10320
 55

EP 0 786 519 A2

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAGTGTT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740
 ACAAGCGAAT GCTGTTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980
 20 GAAACTTGGC TGTTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAAGA 11220
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400
 TTTTThyCTn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAAtT 11460
 35 TAwTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2176 base pairs
 40 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60
 50 ATTTGTATTTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180
 CGTTAGCTAC AATGATTTCa AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

55

EP 0 786 519 A2

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTGCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAATGATG	780
	CAATCTCAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTAAAGATTTCAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGaA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TCGGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTCATCATTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAATATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTTCTATG	1980
	ATTAaaaaaA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTAGCCAAT	2040
55		

EP 0 786 519 A2

CmTyCAAaRG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTGGTA AAGGnT 2176

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 10 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120
 20 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300
 25 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTTCAAT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480
 30 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660
 35 TGTAGGAGTA CAAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840
 40 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960
 45 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140
 50 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAAGTAAA CAGCATTCCC 1200
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

55

EP 0 786 519 A2

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TAiTATGCAA gCAAACGTIA 1500
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1799 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60
 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT 540
 35 AGGTCATTTT CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660
 CATTCGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAGAA GGTTTCGAAG ATGTAGCTCA 720
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900
 45 CCCAGAATGT AATAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

EP 0 786 519 A2

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTA CT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620
 CACTTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTGTGTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799
 20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:
 30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACCTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT AACTAGTTA ATTTTCAAAC 120
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180
 35 TTTAAAAAAT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300
 CCACGTAGTA AGTTTTCAAT TTTCTTAGGA TCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540
 45 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

55

EP 0 786 519 A2

	TATGGCTTGT	ACCATGGA	CCATACTTAC	GAATGCCATA	ATCTTTTATAA	TAATGATATG	900
	GCAAGCTATA	TAGATATGCT	TTTTCAGGCA	TTGTTTGATG	GAATGCTGTA	TCAAAAATTG	960
5	CCACATGAGG	GATATTTGGT	AATAATTTAC	GGAAAGCAG	AATACCCATC	AAGTTaGCTG	1020
	GGTGTGaAG	CGGTGCTAA	TcGCTTAATT	CTTCAATTTC	CTTTTCAACC	TCATCAGTAA	1080
	TAGCTACTGA	TTCAGGGAAT	TTTTCACCAC	CATGTACAAC	ACGGTGACCT	GTTCCATCGA	1140
10	TATCGTTAAT	ATCATTAAATA	ATATTGTGCG	CTTTAAAAGC	ATCCAACATG	ATATCAACTG	1200
	CCTCAACGTG	ATCCTTGATA	TCTTGTA	CTTTAACTTT	TTCCCCGTTG	ACTTCAATTG	1260
	TAAAAATTGA	ATCCTTCAAT	CCGATTCTTT	CTACTAAACC	TTTTGTACT	AATTCCTCTT	1320
15	CAGGCATTCT	AATTAATTGA	A				1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1529 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

	TTTTGAAGAT	ACTACCGATG	AAAATAGACA	AAAGATTTTT	CAATATTTAT	CACCTGAAGA	60
30	AGTTGCAAAT	TTCTTTGATC	AATTAGATAT	TGATGACGAT	GAATATGAGT	TGCTATTTGA	120
	TAAGATGAAT	GCGACATACG	CAAGTCACAT	ATTAGAAGAA	ATGTCATACG	ACAATGCAGT	180
	AGATATTTTA	AATGAGTTGA	CTAAACCAAA	AGTTGCTAGT	CTTTTAACAT	TGATGAATAA	240
35	AGATGACGCG	AATGAAATCA	AAGCATTACT	TCACTATGAT	GAGGATACGG	CCGGCGGTAT	300
	TATGACGACG	GAGTATTTAT	CACTTAAAGC	GCATACGCCT	GTTAAAGAAG	CATTATTATT	360
	GGTCAAAGCG	CAAGCACCAG	ACGCAGAAAC	AATATATGTT	ATATTTGTCG	TTGATGATGA	420
40	TGGTAAATTA	GTAGGTGTTT	TATCGCTAAG	AGATTTAATT	GTAGCTGAAA	ATGATGCTTA	480
	TATTGAAGAT	ATTATGAATG	AACGTGTCAT	TAGTGTGAAT	GTAGCAGACG	ACCAAGAAGA	540
	TGTTGCTCAA	GTTATGAGAG	ACTATGATTT	CATGGCTGTA	CCTGTTATAG	ATTACCAAGA	600
45	ACATTTGCTT	GGTATCATCA	CGATTGATGA	TATTTTAGAC	GTTATGGATG	AAGAGGCTAG	660
	TGAAGACTAC	TCTCGTTTAG	CCGGGGTATC	AGATATCGAT	TCGACTAATG	ATTCAATCAT	720
50	TAAAAACAGCA	TTAAACGTT	TACCATGGTT	GATTATTTTA	ACATTTTTAG	GAATGATTAC	780
	TGCGACAATT	TTAGGGAGAT	TCGAAAAAAC	ATTAGAAAAT	GTAGCGCTAC	TCGCGCGTT	840

EP 0 786 519 A2

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAGAGA 960
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020
 5 TCGAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080
 GACGGTGGGG ACCTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTIONAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380
 15 TTCATTCTTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60
 ATCATTTAGT ATATTTCTA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAACG ACTGCCGACT 240
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATCCAT CAGCTGTTT TCTATTTTA AATACTGCGA 360
 GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTACAACG TTCTTTAATG 480
 TCCATCCCTT TGGTAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAAACTT 540
 GTAATTCTAC ATTAACTAAA GAACGTTTAA AAATAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCAGGT ATGTAGATTA 660
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

EP 0 786 519 A2

CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT 840
 GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA 900
 5 AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC 960
 CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAAGTGTAA CAAAAACAT 1020
 ATTACTCCAC CTTTTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA 1080
 10 AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAA GATGTAGAAA 1140
 ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTC TACACACCAG 1200
 GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC 1260
 15 CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACG CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA 1320
 ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT 1380
 TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA 1440
 20 ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC 1500
 TTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG 1560
 GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA 1620
 TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT 1680
 ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT 1740
 30 TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACTATC AACTACGATT AGTGGTGCTT 1800
 TATATATGTG GTTAGTTTTT CTTACTA 1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 616 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45 ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTGTACTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA 60
 TGACGTTATT CTATGKTGTA CTCATTCTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA 120
 TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA 180
 50 TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT 240
 TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TTCGAATCTA TTCTTTTATT 300

55

EP 0 786 519 A2

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG A TGCaCaATA GAAATGaTGT 600
 TCActGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGCGg TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTGC CTATCTTACC GATTTTAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720
 GCGGCGGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840
 GAAAAAAGCT ACATTTTCAA ATChACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4820 base pairs

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTCCTAA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTTAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACCTTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTGTCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCG CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
30	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCCA AAATTTTAGA GCGTTTGCCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCGATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTCTTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGcCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55

EP 0 786 519 A2

ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGCG TTTCGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA 1680
 AATCATGTCT TTTCGATAAT TCGACAATTG TTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT 1740
 5 TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT 1800
 GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT 1860
 TTTGkTGAAA AGCTTCCCAA TGTGGTGaT TGaTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy 1920
 10 TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTCGCCA TATAGTGAAn CGCCCATTCt TCTGcATCAT 1980
 AAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA 2040
 TCTCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTTCTG CAAATAAAAT 2100
 15 AAAC TGAGTG CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT 2160
 TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCCACACC GTTAGCAACG ATGTCTACGA 2220
 TACTTGCGCC TAATTTTACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG 2280
 20 CTTCTGCTAG TCCAGTCAIT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA 2340
 CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC 2400
 25 GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATTA TTAATTGCTG CAGTTACGGT 2460
 ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAAATT TAAATTTGAA 2520
 GATAACAAAA ACGTGCCTAg yTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTTGTT 2580
 30 GTTGTATT TT TAAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGTTT ATCCGCACAA CATCTTATAA 2640
 TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAAA ACTGTATTTA 2700
 ACACAATTAA GTTGCCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATTG AACCTTTTTA GATAAATAGC 2760
 35 TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA 2820
 TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTTTAAA CGTGTCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA 2880
 ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT 2940
 40 TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTTG TTTGAATTT 3000
 CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAAC GTCCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA 3060
 ATTTAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG 3120
 45 AACTTGTTTT ATACATTTTT AATTAAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTTTCATC TATACTGCAC 3180
 CTGAACTACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTTGCAT GCGTAGAGAT 3240
 50 TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTC AAAATTTTAG GGACTTTTCA 3300
 GGGGCCCCGAA ATCCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG 3360
 55

EP 0 786 519 A2

5 ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540
 10 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600
 CCGTTGTAAA TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTCCACA TATTCCAATA 3660
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT 3840
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCGGAATCT TTGCTTCTT 3960
 GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTFA TTGGTATTGn 4260
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGY 4440
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GGCGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560
 35 ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA 4680
 AGTGTtATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG 60
 TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACTTTGT CATCAACTGT 120
 5 AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC 180
 ATCAACGACA GTTAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT 240
 TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGATTTC AAACGTTTAG GTGCTGTA CT 300
 10 TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG 360
 AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTAAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT 420
 GGCATCTACC TTTTGT TTTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC 480
 15 TTGCAATCA GGTGTGAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC 540
 ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAAACTT CAACTTTATT 600
 20 TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTT TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTT 660
 ATTACCTTGa GATGATACCA TTTCTTTTTG ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT 720
 TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG 780
 25 TTCAATTCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTCCCCAG ACCAAAAATT 840
 AATGTTGTAC CTAATAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA 900
 TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC 960
 30 ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT 1020
 GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTT TAGAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA 1080
 TCGTAAAACG TTATTTAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT 1140
 35 TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT 1200
 AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT 1260
 TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT 1320
 40 TAATCATATT ATTATTTTG TTTTTCACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC 1380
 GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT 1440
 45 GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA 1500
 TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA 1560
 TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA 1620
 50 TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG 1680
 TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG 1740
 55

EP 0 786 519 A2

	TCTGAATCTG	AGTCGCTGTC	TGAATCTGAA	TCACTGTCTG	AGTCTGAGTC	GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	TCTGAGTCTG	AATCTGAATC	ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC	TATCTGAATC	TGAATCGCTA	TCTGAGTCTG	AGTCGCTATC	CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG	AGTCTGAGTC	GCTATCCGAG	TCTGAATCGC	TGTCTGAGTC	TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG	AATCGCTATC	TGAGTCTGAG	TCGCTGTCTG	AATCGCTGTC	TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG	AATCTGAGTC	GCTATCTGAG	TCTGAATCGC	TGTCAGAATC	TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT	CTTCTTCGTA	GTAGCCATTA	TCAAGTGTGA	AATCATCATG	ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA	CTTCGCCACC	ATCGGCATCT	TTATCATCTT	CAGTTGTATT	TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC	CAGCAGGTTT	TTCAAAGATA	ACTTTGTATT	TACCACTATC	TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT	TACCATTTTC	ATCTGTYTCA	GTTGTACCAA	TTACTTCGCC	TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA	CTTTAACACC	TTTAATTCCT	TTTTCAGTCG	AATCTTGTTT	ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCGT	ACCAAACATA	ATCACCTAAA	CTATATTTTG	GTGTTTTGTA	GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA	TGTTGTCAGC	GTCTTTAATG	ACACCTGTTG	TAGTTAGTCC	ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT	CTGTACCTAC	ATTTGCAGTT	GTCGGTGTAT	AACCGGCTGG	TGTTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT	AAGTTCCATT	GCTTAAACCA	GTGAAGTAT	ATTTACCATT	TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT	CTAATTCCTT	ACCGTTACTA	TCTTTAAGAA	TGACATAAAC	ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTTCAT	TGGCATCTTG	TTTACCATCT	TTATTTGTAT	CTTCCCATAC	ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT	TCTTTTGGTC	GCCATTAGCA	GTTGATGAGC	CATTACATT	TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC	TATATTTAGT	TTTGTCAAGT	TCTAAAGTAT	AATCAATTTT	TCCATTATCT	2940
	GTTGAAGTAT	TATCTGGATA	AGCAACTTGT	TGAATGATGT	ATTGTTTATT	GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA	TTAAATCGAC	TGTAGCTGTT	TTATTATCAT	TACTATAAAT	AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA	CATCTTTAAG	TTTTGAAGTA	TCAGGGGTGA	AACTATCCAC	AAATTGATTT	3120
	TGATCTGTCA	CTTCGTAAAT	TTTGAAGTTT	TTTGCATTTG	GATTAAATTT	ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA	CAAACGTTTG	TTTAGTATAT	GTATTTTTAG	GTTGATTTAC	ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG	ATAAATCTTC	ATTGTTAATA	TAGTTTGATC	TTGAAATAAG	CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC	CATAATCGAC	AATGATTTCT	TCGCTATATG	TATCATTACC	TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT	AAGCTGTTTT	ATCAGTTGTT	GCATTTTTAC	GTTTCGCAAA	TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC	CTCTAACATT	TGTATATTGA	TCTACATAGT	TCGTAAAAGT	ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG	TACTATCATA	AATACCTTTT	GCAATAATAT	TACCTTGGGC	ATTATATAAA	3540
55							

EP 0 786 519 A2

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACTATCA 4020
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGCG TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTGCTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTTG 4260
 20 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCATTAA 4320
 TAATACTCCT TTAATAATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATT TTTCAACAA 180
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55

EP 0 786 519 A2

AAAGTTATTC CGCAATCATA TCGTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAAcGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCaTtT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTAATAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTCTGT CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGACAG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCGt TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGGACGT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

55

EP 0 786 519 A2

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTAAATCCGT 1200
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAATTGGT CCCATTGCG GTTCnGGTTA 1260
 CA 1262
 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1142 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:
 20 CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60
 TGTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTCGCGA TGATTTTGT 180
 TTCAATTTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240
 CATCTCACCA GTTTTTCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTGTAC CGCCATATTT 300
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360
 TAAGTCTTTT ACTTTTAT CTGGTAAAAC ACCTGCACGA AACACGCTT CACATGCGTA 420
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTAATTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480
 35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAGG 540
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTC 600
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720
 ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780
 45 AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960
 50 TCCTCTTTT ACATGTTCTA CTTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACCT CACTTTATTT 1020
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA 1080
 55

EP 0 786 519 A2

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTAA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
TTTCATTGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TCGCTATCA	240
GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
TTAGCA _{symy} CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
TCCCTTTTC TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTC GAAAGAGTGT	480
GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTC AATTGTATTG	660
TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
TTTCTAATCA TTAACTCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
AACTCAACTA AGTTCCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTAAAGTT TTGTAATAAA	1080
TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAG TAAGTAATTT	1140
ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTGCTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTGGAACG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

EP 0 786 519 A2

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTT TGCATCTATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATTA ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAACCTATC 1740
 TTTATTTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTnAGATT ATTACCCTCC TTTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTTGGTATT TGAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAAC TTC 540
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCThAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60
CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120
AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTTCATGC GTTCAGCAAT 180
10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240
TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300
TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360
15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTCAAG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420
TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480
ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540
20 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600
AGAAGAGTTC GGTTCAAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTCACTA 660
TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720
TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAAC TGTGATTAT TCTAAAGCCC 780
ACAATGAACC TTCTTGGATG ACAGAATTAC GTAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840
30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900
AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960
AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020
35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080
CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140
ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200
40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260
ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTAAGAAGA 1300

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 3135 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
50 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG 60
 ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG 120
 5 AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA 180
 CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG 240
 ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT 300
 10 TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT 360
 TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT 420
 TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC 480
 15 TTGGTTTTCG TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG 540
 TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA 600
 20 GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA 660
 TTAAATTGAT TGGAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA 720
 CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG 780
 25 TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA 840
 CAGGTAGTGC CGTTGTCACT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC 900
 ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTACG 960
 30 ATGCAGAAAT TAATATTTAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG 1020
 GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA 1080
 GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC 1140
 35 CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT 1200
 TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA 1260
 AATGAAAATA CACCAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA 1320
 40 AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA 1380
 GTTCATTTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA 1440
 45 AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA 1500
 GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT 1560
 CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT 1620
 50 TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC 1680
 CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG 1740
 55

EP 0 786 519 A2

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400
 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACTTTATT 2460
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAAA TTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtTtGCACA TATCGACATA 2760
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820
 CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAAT TATGAATTAG CAGGTAACT CATGCAACAA 2940
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTGATGA AGTGAAAACA 3000
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060
 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120
 40 TCATGCCATT CTGAA 3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1209 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

EP 0 786 519 A2

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTTCATGG 120
 TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAAGTGT 180
 5 TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GCGGTTACCG TTGCAACACT 240
 AAAATAAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300
 AATACATTTC AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360
 10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420
 TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480
 TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540
 15 AATTAGCAGC TGA CTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC 600
 CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG 660
 GTCAACCACTG TGA TAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTTAG 720
 20 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780
 GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840
 TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900
 ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960
 ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTGAA GCACTTTTGT 1020
 30 AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTTG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080
 TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140
 TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200
 35 TCACGGGTG 1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2410 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60
 50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120
 AACGTATCAT CACCCGCACT ATGGTCTCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTCTT 180

55

EP 0 786 519 A2

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT TCTGGCTCTT TATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTGGCC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAACCTAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAGTGA AATCCATCCA TCTTTTGGAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGTAAG TGA CTGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTCC	1500
	GAAATAATGT TATATTTTTTC AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
40	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTA CT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980
55		

EP 0 786 519 A2

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTC A TTATTTT TTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATTtAaTG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTGTGA CTAAATTATA kACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAT 420
 ATCTCATTTT TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTCT GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 40 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

55

EP 0 786 519 A2

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTcAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTcACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240
 TATATCATGC ATCACAaACTA AAATCCcctTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATT CAGTATTAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAActGTT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTcG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTGC CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACTTCTTG 720
 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTtGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 45 AAGATTtGAt AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTTCCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCAATGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTTGGaT TtAcTtAATTG GTATGCTtGT 960
 tATATTTAwT GCACyTcMAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTA AACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGACATAAT ATCATTACACA AGTACACCAT 180
 TTTCGGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTA AACAAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ActTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40
 45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

50 AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

55

	AGGTACAGCG	TTAAAACTAA	GAGAAGCCAT	CAATTATGAT	GAAATGGTTA	TTGTAGATAG	240
	TATGACGTag	TTCTTAATTA	TGCKAAAAGG	GATTGATGAA	AAACTGAAGG	GCTTTTCATC	300
5	AATCCCTTTT	ATTTTAGGGG	AATTGAATAG	ATAGTTTTTA	ACTATACGAA	TTATTAATAT	360
	TTGAGATTTA	ATTGAAATAA	GTTTTAAAAA	TTGGAGGAGA	TAGATTAAAGC	GAAGTCATTT	420
	AAAGGTGAAG	TTAAGTGTAT	TCACAAAAAn	TAGCCACACT	CATATGACAT	CGGATGAGTG	480
10	TGGCTTAAGG	ATCTATGGGG	GGAGGAAnCC	ATAGATGTTT	ACTTTGATAG	GCCAGATTAA	540
	ATATCAAAGT	ATGCGATTAT	TTATAGCTTG	ATGCAAAAGT	GGTATGCCTA	TTAAAAGTTA	600
	CTGCACATAG	CTTTTAATAT	TCCGTTCAAA	GGAAAGGGGC	ATACAATTGA	ACAATCTGTA	660
15	ATAGTACTTT	TAACCAGCTA	TGCTAAAAGT	CTAGTAGGGA	GAACAGTTGT	CCAATCACAT	720
	AAGAACCTCT	AACCTCGTTA	GTACGATTAA	GAAAAGCTTT	TTAGTTAGTA	TGTAATACAA	780
	TTTATTGACG	CGCGTGAATC	TCTTTTATAA	GAGTGTGTAG	GGAATGGCGT	TGTATAAATT	840
20	GTATTAGAAG	AACCTCTAAC	GCATCTCTGT	GGTTAAAAGA	GATGAAGGGA	ACGACAGTTT	900
	aATTAAAACT	GCATAAGAAC	TTCTAGCTTT	TCTCTCTCGT	TCAAAGAGAA	GCAGcTG TTC	960
25	GCAGTTTAAT	CAAAACCACA	TAAAGCTTTT	AACTTTACTC	TTTGATT TAA	AGAGTGATAA	1020
	ATGTTTACAG	TTTAATTAAA	ACTGCATAAG	AACTTCTAGC	TTTTCTCTTT	CGTTCAAGaG	1080
	AAGCAGCTGT	TCGCaGTTTA	ATCAAAACCA	CATAAAGCTT	TTAACTTTAC	TCTTTGATTT	1140
30	AAAGAGTGAC	AAATGTTTAC	AGTTTAATTA	AAACTGCATA	AGAACTTCTA	GCTTTTCTCT	1200
	TTCGTTCAAA	GAGAAGTTCT	AATACCACCA	TATCGTGCGA	TCGGGAACGG	TATATATATT	1260
	AATAGGAGGG	TAATATATAT	TTAACGCACG	ATATGGGACT	ATTAGCCTTC	GACTTTGTTA	1320
35	TGTTGATGTG	TGGCCTAAAA	TATTGGAGAT	ACCAATATTT	TAGGTTGCAT	CAACATCA	1378

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4171 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50

TCCCAACCAA	TAATCGTGGC	AAAAATACGG	ATATTGGTAT	GGCTTAACAA	ATTGCAAATA	60
TCGTTTAAATC	ATACATCCCC	CCTAATCTAT	TGCCCTATCC	TATTCaTAAG	CATAAAAAATG	120
AATAGAGGTT	GGATACATAA	TTTGTAGATG	TAAATTCCTC	TTACAATTTA	CATTTTTTAA	180

1385

	TTATATTCTA	TTCAAAATTAA	TCTATGGATA	CTGTGTCCCC	ACACGCAGC	AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT	ACATCACTAA	GTCAATATAA	ATGATTTAAT	CAGTATTTAC	ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG	TCTAATTTTT	TTGTAACGTT	CTTTCCAAAC	TTTGATAAAA	TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT	CTTCTGTTCT	ATCCATTGTT	GAAGAATGTC	CACGTTGCGT	CTTAAATATA	480
	TATCAATATC	ATGCGGATAA	TTCATTTGAT	TCATATGTTG	CTCATATTCA	TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA	CTTCCGTTT	GGATATACTT	TAATATCTAA	ATCATAGTCT	ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC	ATCACAAACA	AATGGTGATG	ACAAATTGCA	ATAGTAATAA	ATTCCATCTT	660
	CTCTAAACAT	GCAGATAACA	TTaAACCAAT	ATTCTGAGTG	AAAGTaAACA	ATTGCCGGTT	720
15	CACGTGTTAT	CCAAGTTCTT	CCGTCACTTT	CAGTCACTAA	CGTATGATCA	TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG	ATCAGTACCC	TTTAATATTG	TTGTTTCAGA	CCAAACGCGA	TGAATCTTAC	840
	CATCATGTTT	ATAACTCTGA	ATTTTAATGT	TTTCCCTTTC	TTTAGGTATG	GATTCTCTGA	900
20	CCATACTCCA	CACCACCTTC	TGTTAATTTA	ACCATTATAA	ATTATAGCAT	ATTTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA	TAAATACATA	TTTTTACGAA	ATAAGATTTT	ACTACTTAAT	AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG	CTAAGTACTA	CAACAGAGAT	TTACATGTCC	CATTTAAAGT	ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA	TATATCAACA	CTTTAACTTT	TTGACATTGT	TATTCTATGA	GATTTAAAGA	1140
	TATCATTTAT	ACTTTTTTAA	ATTAATGTCA	CTATGTTTTC	CGATAATATT	ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC	CATTTATAAA	TTGATAAAATs	TTTGACATAG	GTACAGGGAA	TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC	TTAAATCAAA	CCAAATCATG	TCATCTGGTA	ATGTTTCAAT	GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG	CGTATACTTT	AATCTTCCAT	GTTAAATGAG	TAAATTGATG	CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG	TTTCTACTGG	TTGAATGTCA	TGACCGATTT	TTTCAGTCAT	TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC	TTTCAAACAT	AGGAAATTGC	CACATACCAT	GCAATAATTT	TTGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA	GATATTGACC	TTGATTATTT	CTAATTAAAA	AGACGGATTG	CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA	CATTTTTTGA	TTTAACAGGT	AACTTTTCAA	ATGTACCTTT	ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT	CTTGAACCTG	ACAAAATAAG	CATAATGGAT	TTTTTGGTGT	ACAAATTAAAC	1680
45	GCCCCTAATT	CCATCATAGC	TTGATTAAAC	GTTCCAGCTT	CTGTAGTAAC	ATACGGTAAT	1740
	AATTCTTGTT	CGTACGATTT	CCTCGTCGAT	TGTAATTTAA	TATCTCGATA	GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC	ATACTCGAAA	AACATTTCCG	TCTACAGTTG	CTAGTGGTAC	ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTA	CTGCAGCTTG	TGTGTATGGG	CCAACACCTT	TTAACGCTTT	AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG	GAACTAAGCC	TTCATATTTA	TCATGAACTT	CTTTAATCGC	CGTATGAAAA	1980
55							

EP 0 786 519 A2

	GCTTGaCTCA	AAACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTTGtGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTGTTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTTATAAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
15	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
	GGGGATACTG	TTCTTAAATT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTTT	AATATTCACG	2640
20	TTCTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTTA	2700
	CATGTCTTTG	TAGATATATT	CAATTCTTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAC	2760
	AAATGGATTG	AATTAAGTGT	GATTAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTTATTA	CATGATTCGT	TTTAAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTTAAAG	TATTTGTTGC	GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTTCCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
40	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GGCAGAATGA	AAATCAAAAC	GATTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTAAATGTA	AACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780
55							

EP 0 786 519 A2

TGTGCTATAC CATTAAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAAT 3900
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAAAT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAAATaG GGGCTTTCAA 60
 25 AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACCTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTAC 300
 ACCAGAAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAAATGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 45 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 TTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

55

EP 0 786 519 A2

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTTGTTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAATAAAGC TGAAAAATCA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAATAAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCrtACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAACTA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTCGC AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAgcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
40	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAATAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820
55		

EP 0 786 519 A2

CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG 2940
 CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCGCTTTTG 3000
 5 AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG 3060
 GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG 3120
 TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA 3180
 10 TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA 3240
 ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT 3300
 TTCTTGTTTC TACAACAGGA AAAACGTCAG AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT 3360
 15 TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATCTGTC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT 3420
 TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTGCA GTAAGTGGAG 3480
 GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAAACAG ACCTATAGGT GCTACAATAA 3540
 CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA 3600
 GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG 3660
 25 GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA 3720
 AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC 3780
 TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA 3840
 30 AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT 3900
 TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA 3960
 ACTCGGTGCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAATTTT GAAAAATTGAA GCGGATTTAT 4020
 35 CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAACCTCGAA AAAACTCAAG 4080
 AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAC TAGAA 4140
 CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG 4200
 40 AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG 4260
 AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG 4320
 AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG 4380
 45 CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA 4440
 AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA 4500
 50 AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT 4560
 CTAATAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA 4620
 55

EP 0 786 519 A2

	GTTGGTGGTC	TAAC	TTAGA	GAAGACCAAA	AGAAGAAAAG	TGATAAATAC	GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC	AGCTCGTAGA	AACAGAGAAA	ATATAAAGAA	ATGGTTTGGA	AATGCTTGGG		4800
5	ACGGCGTAAA	AACTAAAACT	GGTGAAGCCT	TTAGTAAAAT	GGGCAGAAAT	GCTAATCATT		4860
	TTGGCGGCGA	AATGAAAAAA	ATGTGGAGTG	GAATCAAAGG	AATTCCAAGC	AAATTAAGTT		4920
	CAAGTTGGAG	CTCAGCCAAA	AGTTCTGTAG	GATATCACAC	TAAGGCTATA	GCTAATAGTA		4980
10	CTGGTAAATG	GTTTGGAAAA	GCTTGGCAAT	CTGTTAAATC	GA	CTACAGGA	AGTATTTACA	5040
	ATCAAACTAA	GCAAAAGTAT	TCAGATGCCT	CAGATAAAGC	TTGGGCGCAT	TCAAAATCTA		5100
	TTTGGAGAGG	CACATCAAAA	TGGTTTAGCA	ACGCATATAA	AAGTGCAAAG	GGTTGGCTAA		5160
15	TAGATATGGC	TAATAAATCG	CGCTCGAAAT	GGGATAATAT	TTCTAGTACA	GCATGGTCGA		5220
	ATGCAAAATC	CGTTTGGAAA	GGAACATCGA	AATGGTTTAG	TA	ACTATAC	AAATCTTTAA	5280
	AAGGTTGGAC	TGGGGATATG	TAT	TCAAGAG	CCCACGATCG	TTTTGATGCA	ATTTCAAGTT	5340
20	CGGCATGGTC	TAACGCTAAA	TCAGTATTTA	ATGGTTTTAG	AAAATGGCTA	TCAAAAACAT		5400
	ATGATTGGAT	TAGAGATATT	GGTAAAGACA	TGGGAAGAGC	TGCGGCTGAT	TTAGGTAAAA		5460
25	ATGTTGCTAA	TAAAGCTATT	GGCGGTTTGA	ATAGCATGAT	TGGCGGTATT	AATAAAATAT		5520
	CTAAAGCCAT	TACTGATAAA	AATCTCATCA	AGCCAATACC	TACATTGTCT	ACTGGTACTT		5580
	TAGCAGGAAA	GGGTGTAGCT	ACCGATAATT	CAGGAGCATT	AACGCAACCG	ACATTTGCTG		5640
30	TATTAAATGA	TAGAGGTTCT	GGAAACGCCC	CAGGTGGTGG	AGTTCAAGAA	ATAATTCACA		5700
	GGGCTGACGG	AACATTCCAT	GCACCCCAAG	GACGAGATGT	GGTTGT	TCCA	CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT	AATAAATGCC	AATGACACTC	TGAAGTTACA	GCGGATGGGT	GTTTTGCCAA		5820
35	AATTCCATGG	TGGTACGAAA	AAGAAAAAAT	GGATGGAACA	AGTTACTGAA	AATCTTGGA		5880
	AAAAAGCAGG	GGACTTCGGT	TCTAAAGCTA	AAAACACAGC	TCATAATATC	AAAAAAGGTG		5940
	CAGAAGAAAT	GGTTGAAGCG	GCAGGCGATA	AAATCAAAGA	TGGTGCATCT	TGGTTAGGCG		6000
40	ATAAAATCGG	CGATGTGTGG	GATTATGTAC	AACATCCAGG	GAAACTAGTA	AATAAAGTAA		6060
	TGTCAGGTTT	AAATATTAAT	TTTGGAGGCG	GACTAACGCT	ACAGTAAAAA	TTGCTAAAGG		6120
45	CGCGTACTCA	TTGCTCAAAA	AGAAATTAGT	AGACAAAGTA	AAATCGTGGT	TTGAAGATTT		6180
	TGGTGGCGGA	GGCGATGGAA	GCTATCTATT	TGACCATCCA	ATTTGGCAAA	GGTTTGGGAG		6240
	TTACACAGGT	GGACTTAACT	TTAATGGCGG	TCGTCACTAT	GGTATCGACT	TTGGTATGCC		6300
50	TACAGGAACG	AACATTTATG	CTGTTAAAGG	CGGTATAGCT	GATAAAGTAT	GGACTGATTA		6360
	CGGTGGCGGT	AATTCATATC	AAATTAAGAC	CGGTGCTAAC	GAATGGAACT	GGTATATGCA		6420
55								

EP 0 786 519 A2

ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG 6540
GTCGCATCCA GGAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG 6600
5 TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT 6660
ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT 6720
TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG 6780
10 AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC 6840
ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT 6900
AGCGTCTCTT AACACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC 6960
15 AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT 7020
GGGTGAAGGA GATAACAGG AGATGGTTAT CCCTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA 7080
20 ATTAAGTAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT 7140
AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA 7200
AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACTTAGG 7260
25 TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC 7320
AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA 7380
GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTT AGATGCAAGG 7440
30 GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA 7500
CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA 7560
GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT 7620
35 CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT 7680
GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT 7740
AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG 7800
40 ATGTTTGAAG ATGGAATTCC TCTTGATTTT ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA 7860
TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA 7920
45 ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT 7980
ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT 8040
GCATATCGAG ATATAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG 8100
50 CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG 8160
TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG 8220
55

EP 0 786 519 A2

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340
 GTTTTGTTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGGAAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520
 GTAGCGAAAC TGGTAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG 8580
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700
 TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT 8760
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820
 CTGTCAGTAC GTTGGAATTA AGAACAGCTA TAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880
 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940
 TAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060
 25 ATAAGTTGAT TTAGACGGC AAGCaAAATTA AGCaAATTTC TTGTTTTGCT AAGTCGGTTC 9120
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATAAaAAAAA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240
 30 CTTGTATGTA TGTGGAACCT GAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420
 35 TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540
 CTGAATTAAA GGTGTTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600
 TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCa ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5	TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTTCAATC CTACGTGCTT	60
	CACTTTCTAT CtATTAAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT	120
	GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA	180
10	TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT	240
	TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA	300
	GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC	360
15	CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA	420
	AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC	480
	CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC	540
20	GTATTTTAAAG TTAATCGATT GGGCTCCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT	600
	TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC	660
	TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC	720
25	TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT	780
	AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAT AACAGCCTAT	840
30	ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA	900
	AGGCATACCT TCATTAACTT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG	960
	ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC	1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6806 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45	TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA	60
	GA CTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG	120
50	TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA	180
	TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT	240

55

EP 0 786 519 A2

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAAC TGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTA CTTGTA TACATTATCA TCAGCGATT TCAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAA	780
15	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAAT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTA AAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCCTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTTCAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040
55		

EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTCAGGT AACATTCTGA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
20	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATT TATCATTTAA TTTCTGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTCAAGT TTATGAATAT CATTAAATTAA ACCATGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTTAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCAC TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTC AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAACACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840
55		

EP 0 786 519 A2

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTC TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTTCTTTT TAATTTCAAT CAATTCCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTCTGCT ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTGA TTGATTCAC TTTTCAATCT TTTTCAATT	4560
20	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTCATCACG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTAAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTCAAT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTGCGG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATGGGTT CGAGTGTGCT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACTCTTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTAATT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACAAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTCACTTTC	5640
55		

EP 0 786 519 A2

	AGGGTTTCATT	TCACCCAAAC	CTTTGTAACG	TTGTAACGTG	AaGCCTTTTAC	CAAGTTCTTT	5760
	TTGCAATTTA	TTAAGCTCTT	CGTCTGTCCA	AGCGTATTCA	ACTCGCTTTG	TTTTGCCTTT	5820
5	ACCTTTTTTCC	AATTTATAAA	GTGGAGGTAA	AGCAATAAAT	ACACGACCTG	CTTGAACAAG	5880
	CGGTTTCATA	TATTTGAAGA	AGAATGTAA	CAATAGCACT	TGAATATGCG	CACCATCAGT	5940
	ATCAGCATCA	GTCATAATAA	TTACACGATT	ATAATTACTA	TCTTCAATTT	TAAAGTCAGT	6000
10	ACCAACGCCT	GCCCCGATTG	TGTGGATAAT	TGTATTAATT	TCTTCATTTT	TAAAAATATC	6060
	TTCTAGACGT	GCTTTCTCTG	TATTAATTAC	CTTACCACGT	AATGGTAATA	TCGCTTGGAA	6120
	TTTGCGGTCT	CGTcCAAGTT	TTGCTGAACC	TCCCGCAGAA	TCACCTTCGA	CTAAATACAA	6180
15	TTCATTTTTT	TCAGTGTTTT	TACTTTGTGC	AGGTGTTAAT	TIACCAGATA	GCAAAGTGTC	6240
	TTTACGCTTG	TTTTTCTTAC	CTGAACGAGC	ATCTTCACGA	GCTTTACGTG	CAGCTTCCCT	6300
20	TGCTTGTTGT	GCTTTAATCG	CTTTTTTCAC	AAGTGATTTA	GACAATTGTC	CTTTTTCTTC	6360
	TAAATAGAAT	GGCAATTTGT	CTGCAACAAC	TGAATCAACA	GCACTTCTAG	CTTCAGAAGT	6420
	ACCCAATTTA	GATTTTCGTTT	GTCCTTCAAA	TTGCAATAAT	TCTTCTGGAA	TACGAACAGA	6480
25	CACAACAGCT	GTTAAACCTT	CACGAATATC	ATTACCATCT	AAGTTTTTAT	CTTTTGTTTT	6540
	AAGTTCATTA	ATACGACGTG	CATAATCATT	AAATACACGT	GTCATTGCTG	TTTTAAAACC	6600
	AACTTCATGT	GTACCACCAT	CTTTAGTAGC	TACATTATTT	ACAAAACCTTA	AAATACTTTC	6660
30	TGAATATTGA	TCATTATATT	GGAAAGCTAC	GTCTACCTCT	ATACCATTTG	CTTCACCTGA	6720
	AAATGTAGCC	ACGTCATGCA	AAACTTCTTT	TCCTTCATTG	ACATAACTAA	CAAACCTCTT	6780
	GATTCCTTCT	TATAATGGTA	TGTCTT				6800

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1716 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

	GGGGCAnAAA	TTCCAATACA	CTCATTACCA	AATATATACA	CCACTTCCTG	CTACAAGTnn	60
	TTTTACTTGA	TCTTGGTCTT	TTCCGCAGAA	AGAGCATTTT	CAAATTTTCT	TCATCTTCCA	120
50	TTGAATTTAA	ACATTCTTTT	TACACCCCTA	TTCGTTAAAG	ACTATACTAG	ATTGGATGTT	180
	ACAATGCAAC	ATATTAACAT	ACAAACTTTT	TGCTTAAAGA	ATAGTAGCAG	ATACATAAGC	240

		CCtTCAACGA	ACTTTGCGTT	ATCTCTTAAT	AAATCGATAA	CTTTTGGGAT	ACGAACATCA	360
		TTTTTAATGA	TATCAGTATT	ACCTAAAGTA	TTTTTGATAT	CTTCAACTGA	GATATTAAAT	420
5		TGTTTACTCA	TTTTTCTAA	TTCTTTATCG	ATATCTTCAT	CAGTAGCTTC	GATTTTTTCA	480
		GCTTCAGCGA	TCGCAGTTAA	AGTTAAGTTA	GTTTAAACAC	GTGTTCTGC	ATCGTCTTTC	540
		ATTTGCTCTC	TTAATTGAGT	TTCATCTTGA	CCTGAGATTT	GGAAGTACGT	TTGTAAATCT	600
10		AAACCTTGTT	GTTGAATTCT	TTGTGCAAAT	TCAGACACCA	TACGATCTAA	TTCAGTATTA	660
		ACCATTGCTT	CAGGAATATC	GATTGTTGTA	TTATCAGTAG	CTTTTGTAAT	CGCTTCTTCT	720
		TTTTCAACAT	TTTCAGCATC	TGTAGCTTTT	TGTTTCAGCTA	AACGTTTACG	TAAGTTTTCT	780
15		TTGTACTCGT	CTACTGTATT	TGCTTCTGCA	TCTAATTCAT	TAGCAATTTT	ATCTGTTAAT	840
		TCTGGGACTT	CTTTAAATTT	AATTCGTTA	ACTTTTGTTT	TGAAAGTTGC	TTCTTTACCG	900
20		GCTAATTCTT	CAGCATGGTA	TTCTTCTGGG	AATGTTACGA	CAACATCTTT	TTCTTCGTCA	960
		ACTTTCATAC	CTTCTAATTG	CTCTTCGAAA	CCAGGTATGA	ATGAACCTGA	ACCGATTTCT	1020
		AAATCGTAAC	CTTCAGCTTG	TCCACCTTCG	AATTCTTCTc	CGTCAACTGA	ACCACTAAAG	1080
25		TCGATGTTAA	CTGTGTCGCC	ATTTTCAACA	ACACCATCTT	CTTTAACGAC	CATTTTCAGCT	1140
		AAATGTCCTA	AGCTGTGGTC	AATCGCTTCT	TGTAACTCAT	CATCAGATAA	TTCAGTTTCT	1200
		TGTTTTTCAA	TTTCAAGACC	TTTATAGTCT	CCTAATTTAA	CTTCTGGCTC	AACTGTAACT	1260
30		GTTGCTTCAA	AAATGAAATC	TTTACCTTTT	TCAATTTGAG	TAACACTTAC	TTCTGGTGT	1320
		GCAACTGGTT	TAATATCAGT	TTCGTCAATT	GCTTCACCAT	AAGCATCTGG	TAATAAAATG	1380
		TCGATAGCAT	CTTGATATAA	TGCTTCTACA	CCAAAGCGTT	GTTCAAAAAT	TGGACGTGGC	1440
35		ACTTTACCTT	TACGGAATCC	AGGTACGTTA	ATTTGTTTAA	CCACTTTTTT	GAATGCTTGA	1500
		TCTAACGCTT	TGTTTACTTT	TTCTGCAGGA	ACAGTAACAG	TTAATAAACC	TTCGTTACCT	1560
		TCCTTTTTTT	CCCAAGTTGC	TGTCATGTAT	ATATACCTCC	ATGATTAACT	AATTTATTTT	1620
40		TTCAACTTCC	CTATTATATC	ATACGTCTAT	TCCCTATACA	AACATTGAAA	TCACAACGTT	1680
		TATATATTTG	TAAATCAACT	TTTTTCGTCA	AAACTA			1716

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 795 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTGCG 60
ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120
5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180
AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA 240
TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GrAATCATT TAACGTTTGA 300
10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360
GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420
TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC 480
15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540
TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG 600
CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660
20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720
ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TnATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780
25 TATCTATGGT TTACC 795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
30 (A) LENGTH: 887 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60
GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GaAATATTAT 120
40 GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180
GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGATAT 240
ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTGTCCA 300
45 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360
GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCGA GCTTGATAAT 420
50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480
GGATGGATGG GGTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

EP 0 786 519 A2

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720
 5 TGATGCTACC GAAGTGTACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAATTGC 780
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887
 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1183 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:
 20 TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TtnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60
 AChACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120
 25 AAACATCATG ATTtAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT 180
 AATAAAAGTTG ATCATTTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240
 AAAAAATGCAA AAGAtATATC CATTTAGAGT ACWATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420
 GTGGAGAACT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTC AGAATGAATA 480
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAATTCGC 660
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGA CTGG CATCAAATTG 780
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840
 45 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960
 50 CAAATGCCTC TGA CTTATTA TCAAGTGGTG TTA AAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

55

EP 0 786 519 A2

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2332 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

5	GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
15	AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
	CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
20	AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAAnAATAT	240
	GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
	TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
25	TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
	AAAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
	AGATTATAAA AATGGTGATA TTTTCATATA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
30	TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
	CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
	ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GACAATATCT ATTTTTCAGA	720
35	TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
	AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
	GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
40	AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
	CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
45	GGTATGACAG GTRACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
	TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
	ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
50	AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
	GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

55

EP 0 786 519 A2

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
 GGTGTCCGCA ATCATTTATA TGAACTGCT GGAGAAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAA AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
 10 GGATCACTCT CTTCTCCCW ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
 15 AAAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG TATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
 AACTTGAAAC AGATCCCAAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAaAA 2100
 TATTAATGAA CTTGAAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
 25 CTTATATCTC AACATAAAA TGAATTmym TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 865 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
 TTTAATTAGA ATTTTGT TTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
 45 ACTTGTTCCTA TTGAATCTCT GTACGCTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
 TCGAATGTa CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
 GATTGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAATTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
 GATGGAAGTG TAAAAGTGA CGTGATCTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

EP 0 786 519 A2

	GAATATATTT	TTCGTTCTGTT	TCTGGATCAT	GGTATCTGAA	ATCTTCACCA	GAGTGTTCAG	540
	CATGTTTACG	TAAGTCGAAG	TCTGTACGAC	TTGCGATACC	CCATAACTCA	CCCCAACCAA	600
5	ATGGGAATTT	ATATTCAATA	TCAGTTGTTG	CATTTGAGTA	ATGAGATAAT	TCATCTTCAT	660
	CATGATCACG	TAAACGCATA	TTTTCACTGC	TCATATTTAA	GCTTGTTAAC	CAGTCACTTG	720
	CAAAAGTTTT	CCAATAATTT	TGCCATTCTGA	TTTCTTCTCC	AGGTTTACAG	AAGAAATCAA	780
10	GTTCATTG	TTcAAATTCT	CTTGTCTG	AAATGaAGTT	ACCTGGAGTG	aTTTCaTTAC	840
	GGaATGaTTT	ACCAATTTGG	ACCGG				865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1444 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25	TAATGAGTAA	ATAAGTACCA	GATAAAATCA	TGAATATCAT	CCAACATGCG	GTTAACTCTA	60
	CTAAATAATT	AATAATAGTA	TTTTCAGTAA	ACAAAGAACT	ATGTATACTT	CGCATCACAT	120
	TAGAATACGT	ATGTTTCGCA	TTTTGATCTG	CAACAAATTG	ATTGTTATGA	TCTAGAAAGA	180
30	CGTAACGTTG	ATTCCTGCC	ATATCACTCA	GTGTAATTCG	TTTGTTATAT	GGTTCATCAA	240
	GTATGCTAAC	TTTACTTACA	AAGAATCCTT	CATATTGTTG	TTCAACTTGA	TGTACTGCAT	300
	CATTTAATGT	TTGATGCGTT	TTTACATCAC	TGTCACCAAA	AAACTCATTC	TTATAAATAT	360
35	TATTTTCAAC	TTCTGGAAAG	AACAAGTAAC	CAATGCCCGA	AATGGTTAAA	GTGATTAACA	420
	GTGGAGCAAT	AAATATTGCT	GCATAGAAAT	GTAATCTTTG	TAATGGATTA	AATGTATTTT	480
	TCATATTTCC	CTCCCAATTG	GCTATTATAC	GGTGTCAATT	CTGTGATGTG	TGTGAACAAA	540
40	CTGTGACAAT	ATTTATTTTC	TAGAAAAATT	TAACGATGAT	TTGTGATTTT	TAGAAAAATG	600
	AACTTTTAAG	TTGGAATGTT	TGAAGAAAAT	TGATTATTCG	TATGTTTTAT	CAAGCAGCTA	660
	TGATAAAATT	TAAACATAAT	ACAATGCGAG	CCATTTAACG	ATCTATGTTT	AAATGGACAT	720
45	CGATATTGTA	TGAATTCGTT	GTAACAAGCA	AGCATTTCCTA	TGTGAACGAA	CCAAAGGGGA	780
	AAGTAACATG	ATTAATAAAG	AACAATTAGA	TCTTTTATAT	AAATTAAAAA	AAGAAGTTGA	840
50	AAAGTCGCGA	AATGAAGCAC	TTTTACATAC	AATTAACCAA	GTAATTAAGA	AAGTATATTT	900
	GCAGCAATAT	ACATGTTTCGT	TCGTTGGACA	TTTTTCTGCA	GGTAAATCGA	CACTGATAAA	960

EP 0 786 519 A2

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCAGCATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC 1140
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT 1320
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440
 TGGC 1444

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6309 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 20 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAakCATAC 60
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240
 GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT 420
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA 480
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600
 AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720
 TTAGTAaAG GTGGTGAGAT AGTGGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT 900

55

EP 0 786 519 A2

ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA 1020
 AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC 1080
 5 AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCTTAA AAAATAGAGG TTATGACATT 1140
 GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT 1200
 AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT 1260
 10 CATATGTCA GCGTTCTTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA 1320
 GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTG TCTTCTTATG AATTGAGCC AGATAAAGAA 1380
 TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAAATATTA 1440
 15 GACGCAAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCCA TGAAAAATGC CACTGATAAT 1500
 GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT 1560
 20 ACGCAACAAA TTACTGAAAT TGTTGGTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG 1620
 GAAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAAC TCAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTTGA 1680
 TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA 1740
 25 GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTTGT 1800
 ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC 1860
 AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT 1920
 30 GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTC GCCGCGATCC TATCCATCGT 1980
 CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTCAACA GAAGTTCAAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA 2040
 GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC 2100
 35 GGTGTAGGTA AACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT 2160
 GGTATTTCTG TATTCGCCGG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC 2220
 GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG 2280
 40 CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTGTCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT 2340
 GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT 2400
 45 GGTTCAGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA 2460
 CTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT 2520
 ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA 2580
 50 GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT 2640
 TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGAACCATC AATTGTAGGT 2700
 55

EP 0 786 519 A2

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCCTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATTGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACGTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTTCAG ATGGAACCTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAG ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTC TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAAAAAAT	4320
	TTAAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAG TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500
55		

EP 0 786 519 A2

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTCG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
15	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
20	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	CGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAaAC	AAGCGTTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTAAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300
55							

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCTGTAT TAGGACCAAA	60
AGGTTTAAATG CCAAACCCTA AAAGCTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTTAA TCAGGCGTTA	960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA	1140
ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA	1380

EP 0 786 519 A2

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAACTTA AAGAACAATT 1500
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGAATAA TGAGTCA 1717
 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1279 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:
 GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240
 TTACAAAACC TTAAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300
 30 CTTATAAACC TTCTGTGACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA 480
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660
 40 GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720
 TGAAGAAAGA TTTcATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780
 45 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840
 CGCTTGCCAT TGTcCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900
 AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020
 TGACTTTTAA TTaYTGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG 1080

55

EP 0 786 519 A2

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 10 (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240
 25 AAAAAAGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA TATATTTCATG TTGACAATTT 360
 AAAAATGTCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAG AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTtTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

55

EP 0 786 519 A2

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10 ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrrTCAT gCATTtTTCAA TATTTAGATG TCGACCGCAT 60
 AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTTCTAG 120
 15 AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT 180
 TCATACCACT TTGaACATTc aaCATATTGA AAGTTTAAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC 240
 CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTTCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA 300
 20 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA 360
 AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAAtG 420
 CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC 480
 25 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTTATAAT 540
 GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT 600
 ATTTATATAG ATGTATTGCA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT 660
 30 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC 720
 GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAAG AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA 780
 CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTTAATG 840
 35 TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTGAATTG 900
 AAAATGAACA AATCACCCCTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTAAAA 960
 ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTTATCA ACTTGATAAG 1020
 40 CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT 1080
 TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTaG CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT 1140
 45 ATkTTTTtAC GGAACCTA 1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAATAGTT	120
	ATTTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
20	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
25	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAG AACAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTATT	1380
	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAWGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
45	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCTG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680
55		

EP 0 786 519 A2

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800
 TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040
 10 GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCCTAGCT 2100
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAACCT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCAATTAT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480
 GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540
 AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAAGCGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600
 45 CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAKCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTGGA TGATACCATC 720
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

EP 0 786 519 A2

AATGTAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020
 5 TTCAATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG 1440
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATA 1560
 20 GATATTTTGA AATTTGGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680
 25 AGTAAAAATT 1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2112 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAAATTA 240
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300
 45 TGTTCAATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTCT 420
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480
 AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

EP 0 786 519 A2

TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG 660
 TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTtagTTC 720
 5 TTGATGTTTC TCtTTAAaAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA 780
 AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTtGC GGTAGTGAGG 840
 GGATTTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TGCCTCTACT TAGCCAATAA 900
 10 GAAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC 960
 ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC 1020
 TATTATATCA TCGGCAaATA TACAAGCACA GTCACTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTc 1080
 15 TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT 1140
 TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG 1200
 TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC 1260
 20 GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA 1320
 TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA 1380
 25 AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA 1440
 AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA 1500
 TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT 1560
 30 AAAAAAGAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA 1620
 TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA 1680
 CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAATC TAGTTTCTGT 1740
 35 TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA 1800
 TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTcATTATC TTATAATTCA 1860
 GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CA'TTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT 1920
 40 AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA 1980
 AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT 2040
 GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA 2100
 45 GCTGCTTTAG GT 2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCCTCATA TAGTGTAGAG 60
 TTATAGTCTC CTTCCTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240
 AATATTTTTC CTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300
 CTCATTCTTT TTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTGAATAGA ATCT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1372 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60
 30 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120
 TTCGGTTTGT TAAAAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180
 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTGTTGT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240
 35 TACCCATTCT CTTTGGCATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360
 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420
 40 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660
 CCAATGCAA ACTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

55

EP 0 786 519 A2

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTCACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT 1200
 TTACCAGTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320
 15 ACTAnATTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 564 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA 60
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTCCT TATGTCATTT AACTAAACAT 120
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAATGC TTTTTCCTTT 180
 TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAAACGTT GCAATTTTIG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300
 CGACCTTTTC AACCATTGTA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420
 40 AAAGCGACTC TAAATGTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTGCGAT AACATCAGTT 480
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC ACGAnAGCCC CGGAAACTTA TTGTGTTACA AGATATATAA GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA ACAAATATAA TGAAATTAAG CGTTTATAAA ATGAAACAAA TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA TGAAACTGTT TATAGCTTGA ATAGAAGCAT TTATTTTTTA GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT CAAACATTTA TGGCAAATGA ATCAAACATT GAGCGCAAAT GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA GGCCAAACAT TAGGTCGTTT ATCATCAGAA GTAGCATCTA TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA GTAACCTTACA CACCACACGT TGATACTGGT GATTATGTAA TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA ATCGAATTTA CTGGTAACAA AGAACTGAC AAAGTTTACT ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA GGTGGTATCA AATCAATCAC TGCTGGTGAA TTAAGAAGAA CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT GAAAACTCAA TTAAAGGTAT GTTACCAAGC ACTCGTTTAG GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA TTATTTGTAT ATGGTGGCGC TGAACATCCA CACGCTGCAC AACCAACCAGA	600
20	AAACTACGAA TTACGTGGTT AATTAGAAGG AGGAAATGAC TTTGGCACA GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG CCGTCGTAAG AACTCwGtAG CACGTGTACG TTTaGTACCa GGTGAAGGTA	720
	ACATCACAGT TAATAACCGT GACGTACGCG AATACTTACC ATTCAATCA TTAATTTTAG	780
25	ACTTAAACCA ACCATTTGAT GTAACGTAAa CTAAAGGTaa CTATGATGTT TTAGTTAACG	840
	TTTCATGGTGG TGnTTCACTG GACAAGCTCA AGCTATCCGT CACGGAATCG CTCGTGCATT	900
	ATTAGAAGCA GATCCTGAAT ACAGAGGTTC TTAAAAACGC GCTGGATTAC TTAATCGTGA	960
30	CCCACGTATG AAAGAACATA AAAAACACAG TCTTAAAGCA GCTCGTCGTT CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT TAATTGTCGG ACGATATATA CAAAACACCT CGATATTATG TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGCGCT TTTGCGGCG AATATGGAAT GTGTAGAATA TAAATGAATT TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA GATGAAGAAC CATGAATGTG GAGAACAATA AATAGTTGGA TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGA AGTGGAAGTG GATTTGGAAT ACTTTACTCn AAACGATTAA AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA AnAGAAA	1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 673 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

55

EP 0 786 519 A2

TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120
 TtATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360
 10 TACAAGGAAA AATTGGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AAACCTGGTC CGACTTAAAT 420
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACTGTT 600
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCCG 660
 GTTTACCAGT ATC 673

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1240 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300
 40 GCTTTTGGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTC GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTGAG GAGAAaGAAAC ATTGGAACAC 600
 50 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660
 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

EP 0 786 519 A2

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAATCTAC CAACTAGGT 840
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960
 AATACTGCAG CTAATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTGATG 1080
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAC TGTGACTACA 1140
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATA GATaAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1311 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTaA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60
 ATGATCAAAc AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTGTAGAT GACGAGGATT 480
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAAG 600
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAC GAATACTTAA 720
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

55

EP 0 786 519 A2

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTCAAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTITA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
15 (A) LENGTH: 1761 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTCAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTC ATTTTGGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCCT TTAATACGC 480
AGCATCAGCT TTAAAGTAAT GCGTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

55

EP 0 786 519 A2

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 AITGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 5 TCACGTTGGr CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTC AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGTAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATACT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560
 15 TGATCATTTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680
 GCGAGTAAIG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740
 20 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTGGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTGTA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTAGTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAATAAT GGTCTGTCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

55

EP 0 786 519 A2

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTC CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGAATTCAA 360
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATTA 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600
 AAAC TTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTCGGTC TACATT CATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTGGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAATAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTC TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCT 1140
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1504 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTTAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACTATT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTCACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGTTTT	540
25	TTGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
30	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTT ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAATT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
	AAGGGAATC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
45	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGAc	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTTCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

EP 0 786 519 A2

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT 60
ATAAAAGATA CATAGATGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA 120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA 180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT 240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT 300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT 360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC 420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC 480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA 540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC 600
AACAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT 660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC 720
ATAAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC 780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG 840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC 900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT 960
GCCTTTTAAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC 1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT 1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT 1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG 1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG 1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA 1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA 1380

	TAGAAGTGGT	GAAAATTTTA	GTGCGAAAAC	ATTAAGCCAT	TTGTATTATA	AGTTAGTTAA	1500
	TTGCTTTGTA	GAAGAAGTAC	AATTTGATGA	TGGTGTGGT	GATTTTAGAC	TTTTAAGCCA	1560
5	AAGAGCTGTT	AAATCCATTG	CATCACTTGA	AGAATATAAT	CGnTTTTCAA	AAnGGnTATT	1620
	TGA						1623

10

- 15

20

30

40

- 45

50

55

EP 0 786 519 A2

TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT 240
CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC 300
5 AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA 360
CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA 420
AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC 480
10 TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA 540
AACTTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA 600
AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA 660
15 AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC 720
TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA 780
AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAATGTG TTAATTAAAG GTCCTGGaAA AGAATTAGAA 840
AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA 900
GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT 960
25 TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT 1020
GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA 1080
TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG 1140
30 GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC 1200
TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC 1260
GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA 1320
35 TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA 1380
GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT 1440
40 ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT 1500
GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT 1560
TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA 1620
45 GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT 1680
AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TTTAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG 1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1745 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
- 55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTAGTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTATT CATTTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCATGCG TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAaGAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTGCGAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCTCG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTC AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCTT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

EP 0 786 519 A2

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

10

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
20 ATTACGGCAC CAATTAAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAGT TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300
25 TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480
30 TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
35 ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
40 TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTcaA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
45 AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1284 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

```

5   AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACaA      60
    CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG      120
    TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT      180
10  CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA      240
    CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTTCA GTTAATCTAC      300
    TTACTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT      360
15  ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT      420
    AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCa TTGTATTCAc TTAaaACTTc AGGTCCTAAa      480
    TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT      540
    TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT      600
    TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAAATT ATATGCACCC      660
25  TCTTTATTTT GTGCCGTTTt TGAaATTACc ATATTGTCGa ACCATAaATT CGATCCTTCT      720
    TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTa GAGGTGCTGc AACACCACTc      780
    CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGAATTTc ATCACCTACG      840
30  ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTt TAAATGGTGC      900
    GAATTACGGT CATTaAGATT ATACCCaAGT TTATTCAaAc TCATGCCTAT AATCTCTCTa      960
    GCACCGTCAA CTAGTAAaAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGa CTTCCAACTa      1020
35  TCAaATGATT CATTTGGAaT CTTTTCTTTa TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA      1080
    TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAa      1140
40  TTTTAAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT      1200
    TTTTGAACtG nATATTCACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT      1260
    TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA      1284

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5763 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCCT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAATA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
	AACACAGAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
30	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACCTCA GTATCCTGAA TTTCAAGGAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCTA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAAG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
55	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

EP 0 786 519 A2

AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA 1860
 ATATGCTTAC TCATTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC 1920
 5 CTGTCAATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC 1980
 AATTTTAAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTTCGG TGATGAAGAT AATGATATTG 2040
 10 AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG 2100
 ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTGAATG 2160
 ATTTCTTTAA TTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT 2220
 15 TTTAAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG 2280
 GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT 2340
 TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG 2400
 20 TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC 2460
 AAATTACAGT AAAAAGTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAACTGTAT 2520
 CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA 2580
 25 GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT AACTTAGAA 2640
 ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT 2700
 TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCCTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT 2760
 30 TACACCCTAC TTAAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA 2820
 ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA 2880
 35 TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA 2940
 TGATTATGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAAATT TATCGAAAGT TCAAATATCA 3000
 AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA 3060
 40 TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG 3120
 TTCCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA 3180
 ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA 3240
 45 CATTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG 3300
 AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG 3360
 TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAAGTAGG AAAGAAGGTG 3420
 50 CAGATAAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT 3480
 TAACTGAGTT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA 3540
 55

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTA 3660
 GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA 3720
 TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGsCCTAAC GGTAGAATGA 3780
 CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT 3840
 GTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCATCAA TCCAACTACT GCAACACCAC 3900
 ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA 3960
 ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG 4020
 GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA 4080
 AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCCACTT 4140
 TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT 4200
 AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG 4260
 AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT 4320
 TCTTAATATC AATATTTTAC TTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT 4380
 AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAT Aaccaatcta TATAAAGACT GGTtagcttt 4440
 TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT 4500
 TTAAC TTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT 4560
 GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT 4620
 ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTGTCT AATTTCAATG 4680
 TTAAC TTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA 4740
 TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA 4800
 CTTTGTGCTT TCGATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA 4860
 GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA 4920
 TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTAAA 4980
 GATGACGCTG CTTTGTAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTCGCA 5040
 TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA 5100
 AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT 5160
 ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTG TAAACCAGCT 5220
 AACAAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC 5280
 CATACAGCAT CTTCGCGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTGTGTCATT ATACTGAAT 5340

EP 0 786 519 A2

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 ACAAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120
 TAGTTGTAA CACTAAAT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTAAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCAATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GtktATTAAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1188 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGCTAG TGAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

55

EP 0 786 519 A2

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 GCATCAATAT AACAATTCCA TTTTTTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAAA ATATGCGGAA 600
 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 15 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTC GAGTCCTACC 780
 TGTGGAGCCA TTGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCTGCT AAGGtGTAGG 840
 20 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTTATAC 1020
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGgAT CTCTTAACCT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTCG AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAAT ACATTCAAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

EP 0 786 519 A2

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGACT CAATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840
 15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:
 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1373 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear
 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:
 25 TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTT CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCAATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATTA AACTTGCTGC AACCGAAGCA TTCAAACGTG TTACATGTCC AACCATGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TGC GTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTCTGT TTTAAAAAT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTCATTA 900
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAyCGGATG CCCAGTAATA 960
 55

EP 0 786 519 A2

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACCTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTTC 1200
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTTCTTTTAA GCTTTAAaAC 1320
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TCGCTCnCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAAAAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAaGTT 180
 AACACAAAAG CATTGGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300
 CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GGCGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
 35 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480
 ATAGAACTAG ACGTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTATAT GCAAGAACTA GGTACTAGC TAaTGTGACA 600
 40 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTCTG GCCCGCCATT	60
	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACCT	120
5	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATT TATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTTCATATATA TTTCATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTTCG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTGCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
	GTATCATACA AAGCATTTGT ATTAGTTTTC ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
30	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTCAACA	1080
35	CAAATTCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740
55		

EP 0 786 519 A2

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GYCCTAAATTA ATCAAAAGCT 1980
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040
 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100
 10 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTC TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280
 TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTT TCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATT TGGTGCTGA 2460
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC 2520
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640
 AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TnGTTcnTG 2700

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaA ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60
 GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG 180
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTCAC AGCATTTTTA 360
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCgCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATAsC AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

55

EP 0 786 519 A2

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660
 5 AGTrCkTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 CATTTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 10 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAG GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTGT 960
 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020
 15 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTGTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080
 TTAAATTGAT kGacATAAtC TCCTATTCCT TTTTATAGTT TThGATGGAA ATCAC 1135

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTACTGA 180
 35 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300
 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTA TATCCTAATG TGAAATTCGG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGTACAC 600
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACTTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

55

EP 0 786 519 A2

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

5

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

10

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 587 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

20

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTTGTATC ATTACATTAA 60
 TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
 TCCATCCTTT AACAATTATC GTTGTATTAT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
 TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAC GGTTGTTAGT AATATTTTCA 240
 AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
 GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360
 TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCmAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
 TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
 GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
 TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

40

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

50

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
 TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
 TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAAATGA 180
 TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240
 TTAAGTTAAA AGTGTTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwAcCAA 300

55

EP 0 786 519 A2

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 10 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 526 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATTACATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 35 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 40 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

55

EP 0 786 519 A2

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACTA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTION CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
55	TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

EP 0 786 519 A2

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTA AAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GCGGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAA TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGC GCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAaAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTTC GTGACTATTA AAGTTTAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTCGATTCA TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGTTATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTT TAGCAA ACGTAATGAA	2940
35	ACAAGCTAGG ATTCTATTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
	AGAAAAATTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTTCACT ATAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTTCCCTTA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTATGATT TATCAGAAAC	3600
55		

EP 0 786 519 A2

AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900
 10 AAcWAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960
 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAAT 4080
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTGGG 4320
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 881 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCTG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

EP 0 786 519 A2

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
 5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780
 GCGAATAATA CmAAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAAA 840
 10 TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3122 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaaAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCcA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAAAATCCC CTACAGGTAT TTTAGGGAG GTTATTATGA 120
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAAACCT 300
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAAATGGAA 660
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

55

EP 0 786 519 A2

TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT 1140
ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA 1200
5 AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT 1260
ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT 1320
CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC 1380
10 ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA 1440
TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC 1500
AATTTGTATA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA 1560
15 CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA 1620
GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGAAT TTATTTTGTG TGGTGATATA GGTAGACCTG 1680
ATTTATAGTA AAAATCTGTT CAAATAAAG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT 1740
20 ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG 1800
GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG 1860
25 AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA 1920
CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG 1980
GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT 2040
30 TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC 2100
CATACAACAA AAATTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG 2160
ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTGAGA AAGCGAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT 2220
35 TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA 2280
GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA 2340
ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA 2400
40 TTCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA 2460
TTGCAAGTGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT 2520
45 ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAATG AATAAGCATT 2580
ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA 2640
GAAAAATCA AAATTTAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT 2700
50 ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG 2760
ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC 2820
55

EP 0 786 519 A2

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940
 GTAAAAATGG TGTTTGCTCT AACTATTAC CTAAGTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120
 GT 3122

10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3982 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC 180
 TGCCGTAAAT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCTTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG 600
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

55

EP 0 786 519 A2

TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGCACACA GAAAAGCACA 1200
 AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG 1260
 5 AATTGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT 1320
 GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT 1380
 GACAGGTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG 1440
 10 AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGGa ACATTAGCAT TACTTTTATC 1500
 ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA 1560
 TTTAACTGAa aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA 1620
 15 CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT 1680
 TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC 1740
 20 TGATGCTAAA GTTGCATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA 1800
 ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA 1860
 TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAGTAG GGGAGACAAA 1920
 25 TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC 1980
 TCTCCTATTT TTTAAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGTACAA TATTAAATTA 2040
 TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC 2100
 30 AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG 2160
 ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATGGA TCACCAATTT CAACAGACAA 2220
 TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC 2280
 35 AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT 2340
 TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG 2400
 CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA 2460
 40 GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA 2520
 CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATTa GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT 2580
 45 AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT 2640
 TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT 2700
 GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT 2760
 50 ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTGACTCC 2820
 TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAAATAG TTGAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA 2880
 55

EP 0 786 519 A2

AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTAAATATAA 3120
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360
 TTTCAATTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACCTTTATT 3480
 AGCTACGTCA ATTGTAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540
 20 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600
 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCAAT CATTAAAAAC 3660
 CATTTGTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780
 GACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAATAA 3840
 TTCTGCAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT 3900
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA ThTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960
 GTCATGTTAG CCAATTTTAA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1353 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGgaTG ATTTAATaTG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

EP 0 786 519 A2

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAAT ATGGCTCAAT TAAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTC TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 GCGTCAAAC CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTACAAA CAACGCATCA ATCACCACAA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

55

EP 0 786 519 A2

TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA 540
 5 CTTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600
 ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG 720
 10 GTTGTCTCTT TTGTTGTTTT AATTTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780
 CGGTAAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA 840
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900
 15 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020
 20 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080
 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140
 CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200
 25 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260
 AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA 1320
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAA TTGAATCGCT TTAATACCTT 1380
 30 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTCTG 1440
 CTTTAACTTG TTTTATTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTGTC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT 1620
 TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680
 TACCGAATTT CTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTAAAC CATGGAAATT 1860
 45 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920
 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTtTT 1980
 TATAATT 1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAnT GCGTCnTAT CGAGTATACT ATTAACCTTCA ACTATTTTtag	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AACTTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTA CTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTa	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTcAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACTCGCG CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTT TTGTTTATT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTcACCTAC AACACCAATT GAAATTAAct	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCgGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 433 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAAcAA TATATATGTC 60
 TATTCCATT TTAGCCCcTG CCATTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAAACAC CATATTGGTA 240
 CTGTATTFTA ATCGTCTATC TTATTTCTT GTTGTMTTTA TTGTGGCAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAAACATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCGG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGTTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAACT 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720
 50 CTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTTGACAT ATAATTTAGT TGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

EP 0 786 519 A2

GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900
 CCTCTTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960
 5 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020
 TAAGTGCAGT ATTTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTTAACAATT TGTTCAATAA 1080
 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140
 10 TCGTTAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTCGTAC CTACTCCGTC TGTTCCAGAA ACTAAAACTG 1260
 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320
 15 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GaCtAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTCAT ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440
 TCAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500
 20 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCGGTAAA AACTTGGAAG CATAAATTCC 1740
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTKATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTCACAATG 1800
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60
 TGAAGCTTGT GGCGCTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTTATC 300
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC 360

EP 0 786 519 A2

AGTTTTAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTGCGT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCCATTT GACGTTGTCC 600
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 TAATTTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTCAAT 720
 10 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAAGCAT CCTGTCCTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTCTTTC 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1565 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGCnC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATamCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCCA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAATATTAGC TAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAGTTAAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAACAACA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTGGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

55

EP 0 786 519 A2

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTAAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080
 AAAGAATTGC CTAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140
 15 GTAAAACTG ATAAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200
 CATGCACCTG aCAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTTAC ATTGGAAAGT TAAAATTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2870 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTAAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcYa GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

EP 0 786 519 A2

GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA 540
 TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG 600
 5 AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC 660
 TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT 720
 10 ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG 780
 CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA 840
 CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTGCT 900
 15 ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA 960
 TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA 1020
 ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG 1080
 20 CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT 1140
 ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA 1200
 ACAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA 1260
 25 TAAGGATG TCAAAATGAA GGTTCAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG 1320
 GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG 1380
 30 AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA 1440
 TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT 1500
 CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACCT 1560
 35 TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG 1620
 ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT 1680
 ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC 1740
 40 TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATCACTA 1800
 AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG 1860
 TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAA ATAGTGTACG ACAAGTCAAA 1920
 45 AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAATGACTA 1980
 TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA 2040
 50 ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT 2100
 TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA 2160
 AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG 2220
 55

EP 0 786 519 A2

TCAATGATTG TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTG 2520
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT CTTGCGCTCT 2760
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTG GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870
 20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:
 30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300
 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGTG TGTGGCATT AATTTTTCAA 480
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

EP 0 786 519 A2

TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT 900
 AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC 960
 5 TTCTGGTACT TGTTCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC 1020
 AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG 1080
 TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT 1140
 10 GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT 1200
 ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACCAGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC 1260
 ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA 1320
 15 CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAAAC AATGAAGTAA ATGAATTTTA 1380
 ATACCTTGTA CATCCATTG TGCACTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT 1440
 20 CGCCAGGTAA GCCATTAAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG 1500
 CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCAGGATT GATTAAATCA GATGTTGACT 1560
 GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA 1620
 25 AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA 1680
 CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG 1740
 TATTTGTAAG TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTC TCATGCATCT 1800
 30 TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC 1860
 CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG 1920
 GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA 1980
 35 AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAGC GTATTGGAAT TGATTGCCCA 2040
 TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT 2100
 40 GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC 2160
 CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT 2220
 TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG 2280
 45 GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTGGCA TGGTTATTGG AAACITATTA GGTGGTTCAC 2340
 TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA 2400
 GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGCTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT 2460
 50 TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC 2520
 CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG 2580
 55

EP 0 786 519 A2

ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA 2700
 ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT 2760
 5 TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT 2820
 GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG 2880
 TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC 2940
 10 TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT 3000
 TGTGTTCTT TGTACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA 3060
 15 TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT 3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5532 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG 60
 AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGCTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG 120
 30 AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA 180
 CATCAGCACC AGTGTTCGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC 240
 ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG 300
 35 GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG 360
 AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT 420
 40 GGTTATATGA ATAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GG TAGAAAGG 480
 GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA 540
 GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACaCG TAtTaAAAAg AGAGGAATAT 600
 45 TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaa TATTATTTTCG 660
 ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT 720
 TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTATATTT 780
 50 TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT 840
 TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA 900

55

EP 0 786 519 A2

GATACGATTA TATTAAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT 1020
TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA 1080
5 TATTAAGATA ATTCTGACAT TTA AAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA 1140
AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT 1200
CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG 1260
10 ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA 1320
TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT 1380
TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTTATACAT TAGGTAGTCC 1440
15 AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC 1500
TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTAAT ATTACAAAAC CAAGACCTGG 1560
TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA 1620
GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT 1680
ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGT GAAATAGGTG GAATTAAAGA 1740
25 TAAAGATTTT TATGATTGAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTGCTGT 1800
AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCC AGATAAAAT GACGAAGCTA AAAATGAAGG 1860
AGATTCAATT GGCGGTGTCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG 1920
30 TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA 1980
TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA 2040
GATTCAAGAT GAAATCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT 2100
35 AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA 2160
ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT 2220
TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTCTT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA 2280
40 ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT 2340
TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGACT TTTAACAACA 2400
45 AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA 2460
TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA 2520
GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT 2580
50 TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG 2640
AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA 2700
55

55

EP 0 786 519 A2

AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680
 5 AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740
 ATCATTTCCA GGATTTTAC CAAAATAAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800
 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC 4860
 10 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA 4980
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA 5280
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340
 25 kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC 5520
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 35 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa 120
 ACTTGAGAA AACTCmAca CTAAAAArGC TACTATTTCa AATTATGAGA CAGGGTACAG 180
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC 300
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

55

EP 0 786 519 A2

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTT 480
TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540
5 GGAACCTATG TTAACAACAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600
TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660
CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720
10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780
CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTACAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840
TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900
15 ATTCATTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 417 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60
30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120
TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180
TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240
35 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300
GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360
40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAAg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTCGTA CT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTCTA GTGCAATGGG 120
 35 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCCTAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TAGAGCTTGA TTTAAATAAG TACCAACTAT CTTTATCTCG AAAGCGTGGC GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG TACTGAATCA AAGAAACGTG AATTTTAAAG TCAATTAATG GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC TAGCGTTTAT TCAGTAATTG AAAATCATTT TGTCTTTCAT TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA AGACTTTGTT GACTTAGAGC GCATTTTAA TGTGAAAGA CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG TGCCTTACCC TACCAACTTA CCGAATCAAG TTATTAACT TTAAGTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT CTCCATTTCA CGTATAAAAA ATGGAGAGtA TGTGCGATTA AACGATGATA	1140
	TTTATGATTC TGTACAAAAC ACATTTGAAC ACAAAGTaGc AAGCGAACTT GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT ATATGACGTC ACGTTTAATC AGGCAGAAAT TGCTTTCATT ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC TAAACGAAAA AATCTTAATG ATACATCATT AAATAATCGT TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA AGCGTTTGTT AACAAAGTAG AAATGATTTT CGGTATGACA TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT AGTAGATGGA CTGACGCTAC ACCTTAATCC TGCAATCAAT CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA GACCTATAAT CCGTTAACAG ACATGATTAA GTTCAAATAT CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT AAGATTAGCT TTAAATGATT GTTGGCCTGA TTTGATTTTT CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT TATAGTtTTA CACTTTGGTG GCTCGATTAA AAACCAAGGT AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT AGTCGTTTGC AGCAGTGGTA TGGGAACTAG TCGTCTATTA TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT TTTTAGTGAG ATTGAGCGTA TTACACAAGC ATCAGTCAGC GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT AAGTCAATAT GATGGCATT TTTCTACTGT GAATTTAGAC ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC GGTAAACCCA TTATTACCAG ATAGTGATAT CAGTTATGTC GCACAGTTTT	1860
	TAAATACAAA GTCTACGTTC CAAGAGACGC ATGATAAATC ATCAAACATG ATTGATAAGG	1920
35	ATGATGTTCA TGTGAAACG AAAGATGTTG ATGGCAACAC ATCTTTTGAA AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT AACTTCAGTT TTCGAAAAAC ATTTAAGTGA CGAAAAATCA GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT GCGTTCGGGT TTAACTTTGC TTGATTCAGT GAAAATAGTT AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG GCAAACATAT ATCGCAGATT ATCTATATCA ATGCGATGTA ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT CGTGAACTA CTAGAGCAAC GATTGATTGA CAATCCAGGA TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC TGTGCAATA CCACACCTAA GAGACAATAT GATTAAACAC CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT TTTAGAAGAA CCGTTAACAT TGCCTAGTAT TCAAAATGAC AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT GATTTCATG TTTATTTCTG ACAATGATTT TATGGCATCA CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTC CGA ATTTTAAAGT TTGAAATTAG AATCTATTGA TACTTTTATG GAAAATCCAC	2460
	AGGAACCTGA AACATTATTA AGAAACAAAT TTTTAGAACG AATTAAAAAA CAATTTATTT	2520
55		

EP 0 786 519 A2

TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT 2640
 AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTTATGGG 2700
 5 AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG 2760
 TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GGCGAAGTAG TTAAAGTTGT 2820
 CGTGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC 2880
 10 ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA 2940
 ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA 3000
 15 GGTCTGGTT TCATTGGTTA TATTCTG CAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTGCAGACG 3060
 TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG 3120
 ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAATa ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT 3180
 20 CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA 3240
 ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG 3300
 TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC 3360
 25 TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACNaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA 3420
 TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT 3480
 GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG 3540
 30 ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG 3600
 CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA 3660
 TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAC TAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG 3720
 35 ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT 3780
 CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA 3840
 40 AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT 3900
 TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG 3960
 AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTAAAGTGAA TATGCTAAAG 4020
 45 TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG 4080
 AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT 4140
 AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAATTTTC TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG 4200
 50 ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT 4260
 CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCATTACT AAAACAAATT CATATTAAC 4320
 55

EP 0 786 519 A2

TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT 4440
 GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA 4500
 5 GTATCTGGTA AAGTTTITAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCTTGT TTGAGCTGAT 4560
 TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA 4620
 TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAgyTTTA 4680
 10 TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA 4740
 TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT 4800
 GATGGTTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT 4860
 15 GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTTCTTCT 4920
 TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATT GGTCTGTGTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT 4980
 20 TCAGTTGTTG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA 5040
 GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA 5100
 TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA 5160
 25 GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA 5220
 TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA 5280
 TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT 5340
 30 TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCTGA CTGTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG 5400
 TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT 5460
 GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC 5520
 35 GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT 5580
 GTTGCAATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC 5640
 40 ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAAAT CAGCAACTTC TGCATTTGTT 5700
 TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA 5760
 ATTTCTTTTC CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTTAACC 5820
 45 ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA 5880
 AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA 5940
 ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT 6000
 50 TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT 6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

5

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

55

EP 0 786 519 A2

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTTGTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTCGAT 360
 TAATTCACGG AACGGTGT TTGTTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC 600
 15 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsCTTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720
 ATTGGATTTT GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAA TTTTCTAGT 840
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900
 TGCCTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTCA 960
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTT AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200
 ATGTCATTTG CTTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCTTAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCacCTAA AGCTTTTAaG TGTTCTACAA 60
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTA GTTACA CCCTCAGCAA 120

55

EP 0 786 519 A2

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TCGCCTTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATTT TCAATTACAG 720
 TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTGCACCT ACGCnAACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTcATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAAcT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTTGTcATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTcAG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTC TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
20	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAAT TTAACCTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTAaTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAgCTT cTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520
55		

EP 0 786 519 A2

GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTGTCTACG 2640
ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA 2700
5 TGTGTTTTTT CTAATTAAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC 2760
GtTGACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG 2820
CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG 2880
10 CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTCAACCCCA ATCACCTGTC GTCCCTTTGA 2940
TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTTG CGCTCGCACT TCATCACGTG 3000
ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT 3060
15 CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT 3120
ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTAAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG 3180
ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTATCTT CATCTATCTT AATAAATCA 3240
20 TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA 3300
GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA 3360
25 TTTATATGAA TACCTTTAAT TTAAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA 3420
ATGTAGCGAC CATCATACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA 3480
CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT 3540
30 GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA 3600
TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT 3660
TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC 3720
35 TTGAAGGGCC CAT 3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40 (A) LENGTH: 525 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC 60
50 GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT 120
TCTCACTCAA TGATTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA 180

55

EP 0 786 519 A2

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA_rACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAAATGC 360
 5 CAAACGTAC TTCTACTAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCAC_T GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525
 10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1408 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTCTGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCA_GT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CcTAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCA_GT TCTCTTATTA 480
 35 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCCTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900
 TTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTCG TCTAAATCAA 1080

55

EP 0 786 519 A2

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTY TCTtTAAC TG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTyCTTTTTT TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320
 TCATGATTTT ATGTATTTT AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTTCGTCAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGACTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTCATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAT ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420
 TGTGACAC AT 432
 35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

55

EP 0 786 519 A2

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTACTAAAAT AGTAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGATC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCACT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040
55		

	GAGGAACATT	TGAACATAAA	ATAATATATT	TATATAAAAC	GACCgAGGCG	TTCGAACTGA	2160
	ATGtCCTCGG	GTTTAATTGA	ATAGAAATCG	GACTTATGAA	CGAAATATGT	TTAAGTCGAA	2220
5	CTCCTTGTTT	ATACTTATAA	ATTTTACGGG	TTTAATATAA	TACTTATTTA	CCTGTAATAT	2280
	ATGCATAATT	nCTTCAGTCG	GTCAGCCTGT	CGTTGCATAG	TTCCTATGCA	GCAAATGCAT	2340
	ATCCTAATCC	TTTAACATTG	GCATTnCTGC	AAATGAACGC	ATAGAATCCA	TTCACTGTTA	2400
10	ACTTTTTnCA	ACAAATGTCT	nACATG				2426

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1874 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

	GAGTTGGGGA	ATGTGCTCAA	AATATGCGGA	CTTTATGCAT	TyCGGAATTG	sCCaATTGCA	60
25	GCTTTAAGCT	ATGGTCAAAA	AAAGAGGGTC	ACTATAGCAT	CTGTTTTAGT	CTTAAATCCG	120
	GAAATAATCA	TATTGGATGA	ACCGACTGCT	GGTCAAGATT	TCTATCATTa	TAATGAGATA	180
	ATGTCATTTT	TAATTGAACT	AAACAGACAG	GGGAAGACGA	TTATTATGAT	TACGCATGAT	240
30	ATGCATTTAT	TGTCTGAGTA	TAGTTCaAGA	ACAGTTGTAT	TATCAAAAGG	TCAAGTCGTT	300
	GCTGATACCA	CGCCAgTATT	GGTTTTAAAT	GATAAAAAAA	TCTGTGAGAT	TGCATCATTG	360
	AGACAAACAT	CGCTATTtGA	AATGGCCGAA	TATATAGGGA	TTAGCGAGCC	ACAGAAATTA	420
35	GTACAATTAT	TTATTAACCA	TGATAGGAAG	GTGAGACGcC	AATGAATCAA	TATAATACTA	480
	TAGGTTTTCA	CCCGGGAAAT	AGTCGTATTC	ATCAATTAAA	TGCGACTGTT	AAACTTTTAT	540
	TCTTATTAGT	TGTTTCTATT	TCTGCAATGG	TGACTTATGA	CACAAGATAT	TTAATTTTAA	600
40	TTAGTGCTTC	ATCTATTTTA	TTGGTCAAAT	ATGCTCATAT	TGAATGGAAA	CAAGTTCGCT	660
	TTGTTGTtAA	ATTCATTCTG	TTTTTCACAA	TAtTAAATAT	TATTGCCGTG	TACATATTtG	720
45	ACCCTGAATA	TGGTGTGAAG	ATTTATAATC	AGCGTACAGA	GTTAGTCAAT	GGTATTGGTC	780
	GATTTACGCT	AACATCACAG	GAATTATTCT	ATCTTTTTTAA	TCTAATATTA	AAATATATTA	840
	GTACAGTTCC	TTAGCGtTA	ATATTTTTTAT	TCACAACGAA	TCCGAGTCAT	TTTGCTGCAA	900
50	GTTTAAATCA	GCTAGGTGTG	AATTATAAAA	TCAGTTACGC	AGTCTCACTA	GCATTAAAGGT	960
	ATATTCcAGA	TATTCAAGAA	ACATATTtTA	ATATTTcACA	AGCGCAACAA	GCAAGAGGAT	1020

EP 0 786 519 A2

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140
 GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200
 5 ATTATGTTGT TTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT 1260
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAA TATATACACT 1440
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500
 CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560
 15 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTAAATTTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5280 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCACTCTCC 120
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180
 AAAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTIA CAGTTTTTAA 360
 50 AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTGTGAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

55

1480

	AAGCAAGTTT	AGCATTGGGA	ATGTTAGCAA	CAGGTGTAAT	TACaTCGAAT	GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA	aGCAGrAGTT	AAaCAACAAa	GTGAaTCAGA	GTAAAAACAC	TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT	AGAGCGTAAA	AATGTGACTG	GATTTAAATA	TACTGATGAG	GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT	CACAGTAGGG	CAACAGCATT	CTCGAATCAC	TTTACTTGGA	TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA	AGACGGAGAA	AACTCAAATA	TAGATGTGTT	TATCCTTAGA	GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC	AACAAATTAC	TCAATTGGTG	GCGTTACAAA	ATCAAATAGT	GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT	CAATACGCCA	ATTTTAGAAA	TCAAGAAAGA	TAATGAAGAT	GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTTACTA	CATTTCAAAA	GAAGACATCT	CATTAAAAGA	ACTTGATTAT	AGATTAAGAG	1080
	AACGTGCGAT	TAAACAACAC	GGCTTGTATT	CAAATGGTCT	TAAACAAGGT	CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA	TGATGGCACA	ACACATACAA	TCGATTTAAG	TCAAAAACCT	GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA	GTCAATCGAC	GGCACTAAGA	TTAATAAAAT	TCTAGTAGAA	ATGAAATAAT	1260
	ACTTCTAAC	AACAAAGCGC	TATGTTGAAT	AGTGCTTGTT	ATGGAAATAT	ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC	TGTTGCTTAG	CTTCTTTTTT	TGAGGGGAAA	AGTTACAAAA	CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC	ACGCATTATC	TTTTGCTTAA	ATAGCTTAAT	CATATTTTAT	GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA	ATGTGAATAT	CCGAATACAG	CTCCTATAAT	ATGGGTGTAT	GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA	ACAATCTAAT	TATAATAGAT	TGGAGCATAC	AACTATGAAA	ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT	AAGTTTGTTA	TTAGGAATAT	TAGCAACAGG	TGTAAACACT	ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA	TGCCGAAAAG	AAACCTATTG	TAATAAGTGa	AAATAGCAAA	AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA	TCAACCTAGT	ATTGAATATA	AAAATGTGAC	AGGTTATATC	AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT	TAAATTTATG	AATATCATAG	ATGGTAATTC	TGTTAATAAT	ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA	TAAGCAACAT	TATCATACGG	GTGTACATCG	TAATCTTAAT	ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA	TAAGAGATTT	GAAGGTGCAA	AGTACTCTAT	TGGGGGTATC	ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC	TGTCGACCTA	ATAGCAGAAG	CAAGAGTTAT	TAAAGAAGAT	CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA	TGACTTTTTTC	CCATTTAAAA	TAGATAAAGA	AGCGATGTCA	TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA	ATTAAGAAAA	TACCTTATTG	ATAATTATGG	TCTTTACGGT	GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT	TACAGTCAAA	AAGAAATACT	ATGGAAAGTA	TACATTTGAA	TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA	AGACCGTATG	TCCGATGTTA	TCAATGTCAC	AGATATTGAT	AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT	AAAAGCATAA	CACATATACT	TGATGACGAA	ATAAGTTGAA	ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG	TGACGATCAA	ACGTTGCTTA	ACTTCTTTTT	AATGCTTAAA	AATTATTTCA	2340

EP 0 786 519 A2

	TTAATAATAC	TTCAATAAATT	GTTAAAAAGGG	GTTTAATGTG	ATTATCTTAG	AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT	TGTATGATTC	AAATTACGTA	AAAAGACAAT	CGAATATAAT	ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT	ATGAAAATGA	GAACAATTGC	TAAAACCAGT	TTAGCACTAG	GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA	ATTACAGTAA	CGACGCAATC	GGTCAAAGCA	GAAAAAATAC	AATCAACTAA	2640
	AGTTGACAAA	GTACCAACGC	TTAAAGCAGA	GCGaTTAGCA	ATGATAAACA	TAACAGCAGG	2700
10	TGCAAATTCA	GCGACAACAC	AAGCAGCTAA	CACAAGACAA	GAACGCACGC	CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA	AATACTAATG	AGGAAAAAAC	CTCAGCTTCC	AAAATAGAAA	AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA	GAAGAGCAGA	AAACGCTTAA	TATATCAGCA	ACGCCAGCGC	CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA	ACGACAACCG	AATCCACAAC	GCCGAAAACT	AAAGTGACAA	CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG	CCACAACCAA	TGCAATCTAC	TAAATCAGAC	ACACCACAAT	CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA	CAACAGATA	TGACTCCTAA	ATATGAAGAT	TTAAGAGCGT	ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT	GAATTTGAAA	AGCAGTTTGG	ATTTATGCTC	AAACCATGGA	CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT	GTTATTCCAA	ATAGGTTTCAT	CTATAAAATA	GCTTTAGTTG	GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAAATAT	AAAGATGGAC	CTTACGATAA	TATCGATGTA	TTTATCGTTT	TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA	TTGAAAAAAT	ATTCTGTCGG	TGGCATCACG	AAGACTAATA	GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA	GTAGAATTAA	GCATTACTAA	AAAAGATAAT	CAAGGTATGA	TTTCACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA	TACATGATTA	CTAAGGAAGA	GATTTCCTTG	AAAGAGCTTG	ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA	CTTATTGAAA	AACATAATCT	TTACGGTAAC	ATGGGTTCAG	GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAAATG	AAAAACGGTG	GGAAATATAC	GTTTGAATTA	CACAAAAAAC	TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA	GACGTCATAG	ATGGCACTAA	TATTGATAAC	ATTGAAGTGA	ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT	TCTCTAAATA	GAAGCTGTCA	TCGGAAAAAC	AAGAAGTTAA	GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT	GCTTAGCTTC	TTTTATTATG	CGTAATGATG	TAAAAAGACG	AATATTCATT	3720
	TGTTTGTAATA	AGTGGCATTG	CTATGCTCTA	AAAGTGACGA	AACTTCAAAT	GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA	TCAAAATCAT	TTTTATTTAA	CGAACATTAT	GGATTTCTTA	ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA	AATATAGTTA	AACAAGGTTT	AATGTGAATG	GAGCAATACG	CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA	TGATTCAATG	AATGTAATCG	AACAAATCTA	ATAATTACGA	ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA	AATAACAACG	ATTGCTAAAA	CAAGTTTAGC	ACTAGGCCTT	TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC	AACGACAACG	CAAGCAGCAA	ACGCGACAAC	ACTATCTTCC	ACTAAAGTGG	4080
	AAGCACCACA	ATCAACACCG	CCCTCAACTA	AAATAGAAGC	ACCGCAATCA	AAACCAAACG	4140
55							

	CGCCTTCAAC	TAAAGTGACA	ACACCTCCAT	CAACAAACAC	GCCACAACCA	ATGCAATCTA	4260
	CTAAATCAGA	CACACCACAA	TCGCCAACCA	CAAAACAAGT	ACCAACAGAA	ATAAATCCTA	4320
5	AATTTAAAGA	TTTAAGAGCG	TATTATACGA	AACCAAGTTT	AGAATTTTAA	AATGAGATTG	4380
	GTATTATTTT	AAAAAATGG	ACGACAATAA	GATTTATGAA	TGTTGTCCCA	GATTATTTCA	4440
	TATATAAAAT	TGCTTTAGTT	GGTAAAGATG	ATAAAAAATA	TGGTGAAGGA	GTACATAGGA	4500
10	ATGTCGATGT	ATTTGTCGTT	TTAGAAGAAA	ATAATTACAA	TCTGGAAAAA	TATTCTGTCTG	4560
	GTGGTATCAC	AAAGAGTAAT	AGTAAAAAAG	TTGATCACAA	AGCAGGAGTA	AGAATTACTA	4620
15	AGGAAGATAA	TAAAGGTACA	ATCTCTCATG	ATGTTTCAGA	ATTCAAGATT	ACTAAAGAAC	4680
	AGATTTCCCTT	GAAAGAACTT	GATTTTAAAT	TGAGAAAACA	ACTTATTGAA	AAAAATAATC	4740
	TGTACGGTAA	CGTTGGTTCA	GGTAAAATTG	TTATTAAAAAT	GAAAAACGGT	GGAAAGTACA	4800
20	CGTTTGAATT	GCACAAAAAA	TTACAAGAAA	ATCGCATGGC	AGATGTCATA	GATGGCACTA	4860
	ATATTGATAA	CATTGAAGTG	AATATAAAAT	AATCATGACA	TTCTCTAAAT	AGAAGCTGTC	4920
	ATCGGAAAAA	CAAGAAGTTA	AGTGACAACG	GCCTACATGT	TGCTTAGCTT	CTTTTGTTAT	4980
25	GTTCGATGAT	TTGAGAACCC	GAATTTTCGA	TGGGTCCAAA	TATGACGTGG	AAGAGACCTG	5040
	AATTTATCTG	TAAATCCCTA	TCTATCGGGT	GTGAAGCACA	ACGGGATCAG	TTTTATTTAA	5100
	CGAACATTAT	AGATTCCCTA	ATTTACTTAA	TAATGATTCA	ATGATTATTA	AACATGGTTT	5160
30	AATGTGAAAG	GTCAAATACG	CTAACTATAA	TAAAGCTGTA	TGATTCAATA	GACGTAAGCG	5220
	AACAAATCTA	ATAATTACGA	ATGGAGCATA	CAACTATGAA	AATGACAGCA	ATTGCGAAAG	5280

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 886 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	AGTAAATTTG	CCGGTATGAT	GGACACAAAC	GGTGACCTTG	GTCAAGGTGA	ATTAGCGATT	60
	AATCCACCTa	AATCAGATTT	gAACGAATTA	CCTTGGGCTA	CACGTAAAAA	TAAACAGCCA	120
50	GCTTCATCCG	AAAAAgGTTT	AAGTGGTCAT	CATGGTAATG	CAGCAATGCC	TCAAACCAmA	180
	TTAGATTATC	AAATATCTAT	TGATAAGGTC	GTTGAACAGG	CGCAAAAAGC	TGGTATTAAA	240
	AAGCCGTTTT	CAATCGTATA	TCCAAGTGAT	AAAAATGGTA	CCTTTATTGT	ATCTAATACT	300

EP 0 786 519 A2

	GATCAATATA	GCGGTAAAAA	GCTAGGTACG	ATTAAATATG	ATGACTACGG	TATTATTGCT	420
	AAATGGTTTA	CATGGGGCAT	TCCGCTTCAC	GAAGGTCATT	TATTCGGCAT	TTTAAATAAA	480
5	ATCATTAAATT	TATTTGTATG	TATCGCTTTA	TTAGTAGCCA	TTGGCATGGG	GTTTGTCTCT	540
	TGGATAAAGC	GTACAAAAAA	TACTGCAGTA	AAAGTACCAC	ATCGCGTAAA	AAAACCAGCA	600
	TCTATATCAC	TCATAATATG	TTTAATTGTA	TTAGGATTAT	TAATGCCATT	ATTTGGATTA	660
10	TCACTTATCC	TTGTATTTAT	AATTGAATTA	ATATTATATA	TTAAAGATCG	TCGTGCTAAA	720
	CAATAATGCA	CTTAAAGTTT	TGAACTGACG	AAATTTCACAA	AATGgATTCT	CGTCTCTCTA	780
	ATTACtTAAA	ACGGGgTtCy	AaTAATAAAT	CgTACTGaTG	GgAAAGTTTT	TACTTTTTAt	840
15	CTGtCCGAtT	TTTTnGAAwT	TGAAGATAAA	AAAGCATCTA	AAACGC		888

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4336 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30	GGCATTGTG	TCCTTATATA	AGGAACTGTG	tTAAATACAT	TACTGTTGTT	AAGTTGTTTT	60
	TGTAATTCAA	AGAGCAGAAC	AGAGTAACAT	CATCAGTTGT	AGTAAACGAT	AATCCGGTAA	120
	AACAACATAA	TGAAATAATG	AAAGTCATTT	AACCTGAACA	TTAAATATA	TTTGTTTTTTC	180
35	ATTAAGAATA	ATTCAAGTAT	ATTTAAATCG	AGGTTAATTA	TCGTATGAAA	CGATGCACGT	240
	TATAATAAAA	ATGTATGATT	CAAATTACGT	AATGAAAACA	ATCCAATATA	TTAAGATTGG	300
	AGCAAATAAA	TATGAAATTT	ACAGCATTAG	CAAAAGCGAC	ATTAGCTTTA	GGAATTTTAA	360
40	CAACAGGAAC	TTTAAACAACA	GAAGTTCATT	CAGGTCATGC	AAAACAAAAT	CAAAAGTCAG	420
	TAAATAAACA	TGACAAGGAA	GCATTATACC	GATACTACAC	TGGAAAGACT	ATGGAATGA	480
	AAAAATATTAG	TGCTTTGAAA	CATGGTAAAA	ACAACTTACG	TTTTAAGTTT	AGAGGTATTA	540
45	AGATTCAAGT	TTTACTGCCT	GGAAATGATA	AAAGTAAATT	TCAACAGCGT	AGTTATGAGG	600
	GGTTAGATGT	TTTCTTTGTT	CAAGAAAAAA	GAGATAAGCA	CGATATATTT	TATACTGTTG	660
50	GTGGTGTAAT	ACAGAATAAT	AAAACATCTG	GAGTTGTCAG	TGCACCAATA	TTAAATATTT	720
	CAAAAGAAAA	GGGTGAAGAT	GCTTTTGTGA	AAGGTTACCC	TTATTACATT	AAAAAAGAAA	780
	AAATAACACT	AAAAGAACTG	GATTATAAGT	TGAGAAAGCA	TCTAATTGAA	AAATACGGAC	840

1484

	ATAACCTTGA	TTTAAGATCT	AAATTAAAAT	TTAAATATAT	GGGGGAAGTC	ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA	AGATATTGAA	GTTAACTTAA	AGTAAATCAT	TACGAATAAT	TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT	TAACGGTGAA	ATGTAAATTG	GTGCGCATAG	CTTATACAAA	AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT	CGTCGTTAAG	CCGTTTTGGT	TTGTGTGTCA	TGAATCCTAT	CCCAATCTCC	1140
	ATAAAGGTAA	AATTTCCACC	ACCAACATCA	AAATTCTCCA	CATCGCAACA	TAACCAAATG	1200
10	TTATAATAAA	TCTATTACAC	AAAGAGATAA	ATTACTTATT	CAAAGGCGGA	GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT	GAAAAACAAC	GTCAGCAACA	AGCTGAATTA	CATAAAAAAT	TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT	TTAAGAGGGA	ATATGGATGC	GAGTGAATTC	CGTAATTACA	TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT	CGTTCTTAT	CTGAAAAAGC	GGAACAAGAA	TATGCAGATG	CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC	ACGTATCAAG	AAGCATGGGC	AGACGAAGAA	TACCGTGAAG	ACTTAAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT	GACCAAGTCG	GTTACTTCAT	TGAGCCAGAA	GATTTATTCA	GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT	GAAACGCAAG	ATTTGATAT	CGAACACCTG	GCGACGGCAA	TTCGTAAAGT	1620
	TGAAACATCA	ACATTAGGTG	AAGAAAGTGA	AAATGACTTT	ATCGGTCTGT	TCAGCGATAT	1680
25	GGATTTGAGT	TCAACGCGAC	TAGGTAACAA	TGTCAAAGAA	CGTACTGCTT	TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT	AATCTTGACG	ACTTACCATT	CGTTCACAGT	GACATGGAAA	TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA	TATGAATTCC	TAATTGGGCG	CTTTGCGGCG	ACAGCGGGTA	AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT	ACACCACAAC	AAGTATCTAA	GATACTGGCG	AAGATTGTCA	CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA	CGTCACGTGT	ATGACCCAAC	ATGTGGTTCA	GTTTCACTGT	TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA	ACACAAGTGT	ATCGTTATTT	CGGTCAAGAA	CGTAACAATA	CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC	ATGAATATGT	TATTACATGA	TGTGCGTTAT	GAGAACTTCG	ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA	TTGGAAAACC	CAGCCTTTTT	AGGCAATACA	TTTGATGCGG	TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT	AGTGCGAAAT	GGACTGCAGA	TTCAAAGTTT	GAAAATGACG	AACGATTGAG	2220
	TGGTTACGGC	AAACTTGCGC	CTAAGTCTAA	AGCAGACTTT	GCCTTTATTG	AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA	GACGATGAAG	GTACCATGGC	CGTTGTACTC	CCACATGGTG	TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA	GAAGGTGTCA	TTCGTCGTTA	TTTAATTGAA	GAAAAGAAGT	ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT	TTGCCAGCGA	ATATTTTCTA	TGGGACAAGT	ATTCCAACAT	GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA	TGTCGCCAAC	AAGACGACAA	CGTACTATTT	ATCGATGCAT	CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA	AAAAATCAAA	ATCATTTAAG	CGATGCCCAA	GTCGAACGTA	TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT	AAGGAAACAA	TTGATAAATA	TAGCTACAGC	GCGACACTAC	AAGAGATTGC	2640

EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA	GATCAAGTCC	AACAAGATTT	GA AAAATATC	GATAAAGAAA	TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA	ATCAATGCAT	ACCTGAAAGA	ACTTGCGGTG	TTGAAAGATG	AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA	TGTGCCAGAA	TTGAGGTTCC	CAGGGTTTGA	AGGCGAATGG	GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA	TCTTACAGAT	AGAGTAATTA	GGAAAAATAA	AAACTTAGAA	TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT	ATCCGGACAG	TTAGGTTTAA	TTGATCAAAC	AGAATATTTT	AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTCGAA	AAATCTAGAA	AATTATACAC	TAATAAAGAA	TGGAGAATTC	GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC	TAATGGATAC	CCATTAGGGG	CTATTAAAAG	ATTAAGTAGA	TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC	CTCTTTGTAT	ATTTGTTTTT	CTATTAAAAG	TGAAATGTCT	AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA	TTTTGATTCT	ACACACTGGT	ATAGAGAAGT	TTCTGGAATT	GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA	TCACGGATTA	TTAAATGTTT	CTGTGAATGA	TTTTTTTACT	ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG	TTTAGAAGAA	CAGCAAAAAA	TAGGCAAGTT	CTTCAGCAAA	CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT	AGAAGAACAA	AAGCTTGAAT	TACTTCAACA	ACAGAAAAAA	GGCTATATGC	3420
	AGAAAAATTT	CTCACAGGAA	CTGCGATTCA	AAGATGAGAA	TGGTGAAGAT	TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG	CAAAATAGAA	AAATATTTAA	AAGAGAGAAA	CGAACGTTCT	GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC	AGTAACTATA	AATAGTGGCA	TTATAAAATT	TAGTGAATTG	GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG	TAAAGATAAA	AGTAATTATA	AAGTAGTTAG	GAAAAATGAT	ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG	AATGTGGCAA	GGGGCTAGTG	GTAAATCAAA	TTATAATGGG	ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC	TGTGCTTTAT	CCAACACAAA	ATACTAGCTC	ATTATTTATT	GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACAC	TAGAATGATT	CATAAAATTA	AAATTAATTC	ACAAGGATTA	ACATCAGATA	3840
	CATGGAACCT	AAAATATAAA	CAATTAmAAA	ATATAAATAT	AGATATACCT	GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA	GATAGGTGAT	TTCTTTAAAA	AAATGGATAT	ATTGATAAGT	AAACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA	AATATTAGAA	AAAGAGAAAC	AATCCTTTTT	ACAAAAAATG	TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT	ACATAGATTG	CATAAGAATA	AAATTTGTAT	AATTTAACAT	AAAAGTTGTA	4080
	AAAGTAAAGT	GAATTAAAAA	CGAACATTAA	ATTTAGGCAC	TGTGAAAGCG	CAGTGTCTTT	4140
45	TTTGTGTCGA	AATTGTGTAC	AGAATAAGTA	GTAAATAAAA	GATTAAAGTG	AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA	ATAAAAGAGA	GTAGATCGAT	AGGAATTGAA	TGATATTAGT	TAAGTATTTA	4260
50	TTAAATTACT	TAATAATGAT	TAATTTTTAG	TTAAAGTAAG	TTTAATGTGA	AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT	TAATGA					4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGCA ATTCAGGTT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
40	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACCTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTA CTGGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

EP 0 786 519 A2

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTCACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCA 180
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTGTTG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTGTGTTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCCTCA aAAwAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTC ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTTCCA TCTTCTAATG 360

EP 0 786 519 A2

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAAATTTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAAG TATAAATCCG AAATGCTTTC ATAAAtCTGAA ACGTCTTTCA 660
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCCT AGCATTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGGGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTAAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 4923 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAAAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60
 50 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTTATAAAT 120
 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

55

EP 0 786 519 A2

ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT 360
 TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT 420
 5 CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT 480
 AACGCGACAA TTTGTTTAAAT ACTTCATAAG CTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA 540
 AAAGTATTTT CTTTCTATT C TGTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC 600
 10 TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT 660
 GTTTAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT 720
 15 CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA 780
 CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG 840
 CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA 900
 20 AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTAA ATAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA 960
 CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC 1020
 CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT 1080
 25 GCATTGCACa ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA 1140
 AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG 1200
 TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC 1260
 30 TGTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA 1320
 CATAATACTG ATAGCGATGT AAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA 1380
 ATAAAACTC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAATGAA 1440
 35 TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAT AATATACTTC CTTAAAAGTT 1500
 ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTAAAGT TTGTTTAAATA TCTTCTCTG 1560
 40 TATGTTCACT TGTAAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT 1620
 TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTCCCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT 1680
 AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG 1740
 45 TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAAAT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTGGCCTA 1800
 AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG 1860
 CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG 1920
 50 CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA 1980
 CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT 2040
 55

EP 0 786 519 A2

	AAATTTCAATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGGCAGCCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA	2820
25	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
	GGAGAACAAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTAAATTTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTTGGC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTTAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGCTGTA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTTAC GACGTGCCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAATATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTATAGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
55	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

EP 0 786 519 A2

	5	10	15	20	25	30	
							3960
							4020
							4080
							4140
							4200
							4260
							4320
							4380
							4440
							4500
							4560
							4620
							4680
							4740
							4800
							4860
							4920
							4923

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 917 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45	TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAT ATTAACCTCC	60
	TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA	120
50	ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGATAC CyTgCTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrgAA	180
	CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT	240
	GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT	300

EP 0 786 519 A2

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTCTGT CTTCATTGCT 480
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCATT TTTCAATTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTTCCTACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAAATACT 840
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTITAGAAG TATGAAA 917

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TTTCAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTT TTTCACTTTT AGAAAACTTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1374 base pairs
 50 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120
 5 ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTCCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420
 15 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480
 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540
 TTTCTGTGGA AGTTTGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720
 TCTTCCAAT TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840
 GCGCAGATAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTCTGTTCAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAAG TGCATCTGGT TGTTGCGGTA 1200
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCatCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

55

EP 0 786 519 A2

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120
 TTGTCCTTTT TGA AAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300
 AACAAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 10 TGA AAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420
 CGCTTTTTCa AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 CATAGCATGA TTA AAATACT TTGCCGCTTC GTA ACTTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 15 TTGTCGtKgT GCGCTTGTGC AAAGTGATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTc ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACtCAa AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAa TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATAcACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTGGCTT 1140
 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 35 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTcATTATCC TGACCTTGAT TTTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTcAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAa ACATTcGTTG GG 1472

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1054 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT 60
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAGACAA GGGCAACTGA 120
 5 GGCAGAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180
 CTC AATTGAA GAAAAAGCAC AACAAATTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300
 10 AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420
 15 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480
 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600
 20 CCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660
 AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780
 25 CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020
 AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG 1054

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1057 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45 AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60
 AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC 120
 50 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180
 TTTTGTAAAT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAAT ACAAAAAATAG TAGATTCCAA 300

55

EP 0 786 519 A2

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCa TTTTTCaAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAAATG TACCAAAATG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 10 ATAATACTTG CTTCAACCACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCTG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GGCGCTTGAA CATTATTTGA 840
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCaATTTT TATAAAAaAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATaTa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3754 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACtTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGTAGTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTr ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTTc TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACTA TAAGATTTAC 660

55

EP 0 786 519 A2

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTGTA GAAAGGATGC TATTTTGTA TTTATTTAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCCCTGT TTCGCTCTCG AATTTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCTT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGAGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCCTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTTc CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACc TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACT CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTACCAAG TTCTTTTAAA TATGTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAAATCTTC AACTAATTCT TTAAGAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAGATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGTTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGTA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTCGA CTGATATTCC	2460
55		

EP 0 786 519 A2

GAAGGTTAAA ATTTTAAAG TAAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
 5 TCTTGATTTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
 CATTTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATIATTA GGAAAAATATT TATATGTAAC 2760
 ACTTTTATCA TTAATTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCCACC TCTAATTAAT 2820
 10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
 15 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
 AAATGTGTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
 TTGAATTA AAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
 20 ATCTCGATTT CTAACGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCTTT TGATACCGTA 3180
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
 TTTATATTCT CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTGT GACTCtTCyT 3480
 30 TTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600
 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
 35 TTTCAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 815 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

EP 0 786 519 A2

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAAACAA ACAAACCATA 240
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC 360
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420
 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480
 10 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540
 ATAAAGCGAT TGTCAATTGTG TTACATGATA TTAACCTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660
 GTAGTGTTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTAAAGGGG TGATGCGCCA 780
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 919 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA 120
 TTATGTTnAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300
 AAATAGTATT ATTCAGTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360
 TATTTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTAAAGCAT 420
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540
 50 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600
 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

55

EP 0 786 519 A2

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
GCAGAAAGTTA TTTTAAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900
5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
10 (A) LENGTH: 518 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
20 CCCGTATTGT TTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTGCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC
AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATTT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG
AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGaTTCTA ATGCTAAAAG 420
30 TTTAAACAAT GCCTTGChAT CATAGAGCGG TTGTCCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA
AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1539 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

45 CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
AAACAAATTA TGATGTTGTA TTCACTAGTG GTGCACtGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

55

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTCGGT	TTAGTAACAT	GTATGTATGT	AAATAATGTA	ACTGGACAAA	TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG	GCTAAAGTTA	TAAAAAATTA	TCCTAAGGCA	CATTTTCATG	TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATT	GGCAAAATTT	CAATGGATCT	CAATAACATA	GATAGTATTA	GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT	AATGGTTTAA	AAGGACAAGG	CGTCTTACTT	GTAAATCACA	TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT	GTCCATGGTG	GTGGTCAAGA	ATATGGTGTT	AGAAGTGGAA	CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT	ATTGCAATGG	TTAAAGCGAT	GAAGATAGCT	AATGAAAAC	TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTT	GTTACTGAGT	TAAATAATGA	CGTCCGTCAA	TTTTTTAAATA	AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT	AATTCCTCAA	CTTCAGGTTC	ACCATTCGTT	TTAAATATTA	GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT	GAAGTATTAG	TTAATGCTTT	TTCAAAATAT	GACATTATGA	TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT	TCATCTAAAC	GTAATAAAAT	AAATGAAGTA	TTGGCTGCAA	TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT	ATTGAAGGTA	GTATAAGATT	ATCATTTGGG	GCTACTACAA	CTAAAGAACA	1020
	TATAGCGAGG	TTTAAAGAAA	TATTTATCAT	CATTTATGAG	GAAATTAAGG	AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT	ATGATCACTT	GCTTGTTAGA	TACGGGGAGT	TAACATTAAA	GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT	TTGTAAATCA	ATTAAGAAAT	AATGTAAATA	AGTCaTTAAA	AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTCG	TTAAAGGCaA	ACGAGATCGT	ATGTATATTG	AACTTGAAGA	CCATGCaGAT	1260
	ATAAATGAAA	TAACATATCG	ATTATCAAAA	ATTTTCGGTA	TTAAATCTAT	TAGTCCAGTA	1320
30	TTAAAAGTAG	AAAAACAAT	AGAGGCAATA	AGTGCAGCGG	CAATTAAATT	gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC	AGCACATTTA	AAATTGATGT	GAAGCGTGCC	CGATTAAAAAT	TTCCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT	GGAATTACAG	CGTGGAATTG	GGGTGGTGCC	AGTATTGGAG	CACTTCGCCA	1500
	TATTTCCAGT	GGATGTCCAA	CGTCCCAGnC	CCAGGAATT			1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 968 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50

ATAnCGTATA	CATGTGTTCT	TAAAAATTGT	GATAAGGAGT	TTAGGATGGT	TTATTTAAAA	60
TCAATAGATG	CCATTGGATT	TAAGTCTTTT	GCAGATCAAA	CCAATGTTCA	ATTCGATAAA	120
GGTGTAACTG	CAATTGTTGG	TCCAAATGGA	AGCGGTAAAA	GTAATATTAC	AGATGCTATT	180

EP 0 786 519 A2

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420
 GCCGATTTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGAAGGTCG CGTAGAACCT 660
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAAATATAC GGGACAATTA 960
 AATGTTTT 968

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 436 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTG 60
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTTCA 120
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTTCATATT GAGTTCATAT 180
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAAATTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAh GGGCTTGGA GGGaGAATAT 360
 TTCGTwATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTCACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAAtGCCTT TTTTATCAG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAT AAATCTGAT AAAATCTGT	600
25	TTCTTCCCCA AAAATTAAct CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTCATCAA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTTTA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAAtGTAT TaAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCAT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGtKGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTTCGAA	1440
	tACTCTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

EP 0 786 519 A2

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740
 5 AATTCACCTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800
 ACAAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATAAA TAAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAAA TTTTTCACGT 2100
 ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAAACAGA ACATTGATCA 2160
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTCAG CAGTAATATG TGGGATTGTG 2220
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280
 TTTAAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTTT GGCTAATAAT 2340
 GTTTTCTCTT GGTTAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400
 25 ATGATTCTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

EP 0 786 519 A2

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTTGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GGCGCAATGA 840
 AAGTGTTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTAA CAAAGTAATA 960
 AAAAAGCAAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTAA 1080
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140
 AGAGGAATTA TATTAATAAT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTC TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320
 TGCTACAGCC AAGTAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTGTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120
 CACTTGATGA CCAAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTTCT AGCGCTTCA CTTCTTCTCT 300
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360
 55 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420

EP 0 786 519 A2

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AkAAAAATgKa 540
AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600
5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660
AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 454 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60
AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120
AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180
25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240
ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300
TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360
30 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTa ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420
kAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 894 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
40 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60
CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGGAAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120
50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180
GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240
CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

EP 0 786 519 A2

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480
 5 TGATACGATT TTAATAATTTT ATTCACACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600
 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAATAAAC ATCTGCAGTG 660
 10 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACnCC 840
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 441 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

30 TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180
 35 TAATTTAAAA TTAATAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300
 TGATTTTCA GATTCATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAanA GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1205 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

55

EP 0 786 519 A2

AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTTAAACATT TGAAAGAAAT 240
 ATGCATATTT GCCAATTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTTC TTGAAAAAAC 300
 GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATtGGA 360
 10 ACTTTTGTAAC ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT 420
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGGCGAT 480
 15 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600
 TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTAAAGTCA 660
 20 TTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA 720
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAAaAAG CACACTGTCT TTAAATATT 780
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT AttTCATGAT 840
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTT CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960
 TTAAAAATAG TGTTCTGAAG TGTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAAAATG TTATGGAATA 1020
 AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT 1080
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200
 TTCGT 1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 570 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT 60
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120
 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180
 55

	ATTTGCTAAG	TCAAAATTAA	TTGAAGATGA	AAAACGATTG	ACTCAGTCAT	TAGCTGATTT	300
	TGrTACGTTA	TCAATGAGGG	AACAGACGCA	CTTGATTTTG	AAGTTAATAG	ACAATGGTCA	360
5	TTTTCAATTT	CAAGAAACGG	TATTATATAT	ATkAAaAyCT	AATaCGTACa	GtATAACCT	420
	CATTAGTTTA	ATGATTGAGT	ATTTAAGGTT	CGCAAATTGT	ACACAAGAAC	TGACAATTGA	480
	AAAGTATGGT	ATGGATGTAA	CTTTTGTACC	AGCTAATTTA	AAAGGGCTAG	AACATACAAC	540
10	ACTTAAAGAA	AAAGTTATAC	CTAACGTTAT				570

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 939 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

25	GTGAATGGT	TAGCAGCTGC	AGTTGTATTA	TATTTCTGTG	GTGAATTGT	TGACGCTCAT	60
	GTATCATTCA	TGTCCTTTAT	TGCAATATTT	ATCATTGCTG	CATTATCAGG	TTTAGTCAGC	120
	TTTATTCCTG	GTGGTTTCGG	CGCTTTCGAT	TTAGTTGTAT	TACTAGGATT	TAAAACTTTA	180
30	GGTGTCCCTG	AGGAAAAAGT	ATTATTAATG	CTACTTCTAT	ATCGTTTTGC	GTACTATTTT	240
	GTACCGGTAA	TTATTGCATT	AATTTTATCA	TCATTTGAAT	TTGGTACATC	AGCTAAGAAG	300
	TACATTGAGG	GATCTAAATA	CTTTATTCCT	GCTAAAGATG	TTACGTCATT	TTTAATGTCT	360
35	TATCAAAAGG	ATATTATTGC	TAAAATTCCA	TCATTATCAT	TAGCAATTTT	AGTATTCTTT	420
	ACAAGTATGA	TCTTTTTTGT	AAATAACTTA	ACGATTGTkT	ACGATGCTTT	tATATGATGG	480
	AAATCACTTA	ACGTATTATA	TTCTATtGGC	AATTCATACT	AGTGCTTGTT	TATTACTTTT	540
40	ACTGAATGTA	GTTGGTATTT	ATAAGCAAAG	TAGACGTGCC	ATTATCTTTG	CTATGATTTT	600
	AATTTTATTA	ATCACAGTGG	CGACATTCTT	CACTTACGCT	TCATATATTT	TAATAACATG	660
45	GTTAGCTATT	ATTTTGTTC	TGCTTATTGT	AGCTTTCCGT	AGAGCGAATA	GGTTGAAACG	720
	CCCAGTAAGA	ATGAGAAATA	TAGTTGCAAT	GCTTTTATTC	AGTTTATTTA	TTTTATATGT	780
	TAACCATATA	TTTaTTGCTG	GAACGTTATA	TGCATTAGAT	ATTTATACGA	TTGAAATGCA	840
50	TACATCTGTA	TTGCCTATT	ACTTCTGGCT	TACGATTTTA	ATCATCGCTA	TCATCATAGG	900
	TATGATTGCA	TGGTTGTTTG	ATTATCAATT	TAGCAAAGT			939

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1059 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA	AATATTACAC	ACAGCCTCAT	TTTTTCATTTT	CAAATAAATG	GCTATATCAA	60		
	TATGATAATG	GAACATTTA	TGTTGAACTT	AnGAGATATT	CATGGTCAGC	ACATATATCT	120		
	TTATGGGGCG	CTGAAaGTyG	GGGAAATATT	AATCAGTTAA	AAGATCGTTA	CGTAGATGTG	180		
15	TTTGGA	CTAA	AAGACA	AAGA	TACTGATCAG	TTATGGTGGT	CTTATAGAGA	GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA	CACCAGCCGC	AAAACCTTCT	GATAAACTT	ATAATCTTTT	TGTGCAATAC	300		
	AAAGATAAAC	TACAAACGAT	TATTGGTGCG	CATAAAATAT	ACCAAGGCAA	TAAACCAGTA	360		
20	TTAACATTGA	AAGAAATCGA	TTTCCGTGCA	CGAGAAGCGT	TAATAAAAAA	TAAATATTA	420		
	TATAACGAAA	ATCGTAATAA	AGGTAAGCTT	AAGATCACCG	GTGGCGGTAA	TAACTACACT	480		
	ATTGATTTAA	GCAAAAGATT	ACATT	CAGAT	CTAGCAAATG	TTTATGTTAA	AAATCCTAAT	540	
25	AAAATAACTG	TTGACGTCCT	CTTTGATTAG	TATATGAAGG	TGACTTATAC	TTCATGCACT	600		
	TTAATTCCAA	ATCAGATTAT	TTAAATGATA	ATTTTTAAAG	TGTATGATGT	ATATAATAGG	660		
30	TAAAAATTTT	C	TATATATTTA	AATGGAATTG	GGAGTAGGAA	TGTGACAGAA	ATAGTATTTT	720	
	ATAAAATTTA	TTCT	TGTCAC	TCCCCAACTT	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTCCGCCAG	780	
	CTTCTATGTT	GGGGCCCCGC	CAACTTG	CAT	TGTCTGTAGA	aTTTCTTTTT	GAAATTCTCT	840	
35	ATGTTGGGGC	CCCCCCTATA	ATTGAAAAAT	GCTTGTTACA	TGGGCATTTT	CATT	CGGTCA	900	
	ACTACTACCA	ATATAATATT	GtAGaGCCTA	AGACATTGAT	TTATTATGTC	TTAGGCTCTA	960		
	TTCCTTCATT	TAATGATTAA	nTTATTATAG	CAATACTTTA	TTGTCCC	CATG	ATTAGTGTTC	1020	
40	TTTTAATGAG	ACATAGTAAC	TATAAAGTTT	AATAATCGT			1059		

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 574 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55 GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG 60

EP 0 786 519 A2

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCAT 240
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420
 10 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 796 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60
 30 AATTCACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTTGCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120
 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT ACACTACCTA CTCATGCGAT 300
 GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT 420
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600
 45 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTCACCAAC 660
 AAGACGCGAT AAACCTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

55

(A) LENGTH: 1095 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG	ACAAAATATA	AAGATGGAAA	GTTAGTTTAT	GCATCAGTCG	AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA	CATAAAGATG	ATGCAATTAA	ATATGACGAT	TATTCTAAGT	TAAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA	ACTAAACTTG	ATCATCCAAA	ACCAGTTCCA	TATAGCGTaC	TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG	TACCTTTAAC	AAGCGTTTCA	TTTATGACAC	ATGGATCAAA	GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT	TGCCGGCATT	GGCCTATTTC	ACTTTTTTCAC	CAAAAAATTA	TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG	ATCCAAAAGT	TTTAAATTTA	GTACATATGG	ATTTCTTAA	TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA	ACGCACATTT	TGTTGTTTTA	AGTAAATATA	TTAAAGAGTA	TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG	CGTCAGATGA	TTCTTTAAAA	TAGTATTTAC	TGTGTGAAAA	ATAAATAGTG	480
	TACTACATTA	AATAATCGCA	ATAATAATCC	CGATAAACAA	TCAGCATTAC	TGCTTATCAC	540
25	ATAGAGTTCG	TAATAACTAT	AACTCTATGA	TTCGCAAATA	ATAAATGATT	GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTTA	TCAATTTATA	AAGTGACATT	ACCTTGTTCA	TCAGCAGGTT	TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA	CTAATAATTG	CTAAAAATGTG	TGGGATACCT	GTCCAACAGA	ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT	TGCATATTCT	TGCCGGCATA	AAATTTATGA	ATACCAAAAC	TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT	AAAATATAAA	TAACTTTGTT	TACTTGCATT	TCTTTCCTC	CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG	ACATTAGCTT	CTCTTTTTTAT	TATACCCACT	TTTAGTTCAA	ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATT	CCAATCATCT	AAATTTAGT	TATTCAATCC	TTACAATAAA	TTTAGGATTA	960
	CATTTAGTT	GCATTGTATT	ATTTTACGTG	TGAAATATAC	GTAATGAATC	ACATGACAAy	1020
40	CTyCAAATTG	AAAAATATAC	ATTCTATGAT	GTAAGGTCGC	ATTTTAAATA	TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT	GGATG					1095

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

EP 0 786 519 A2

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCa TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240
 AGTCTTGCGA TTAAATCTT CCACAAATG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300
 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360
 10 AAACCTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCA TAATTAATTT 480
 15 GTnGATTTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1287 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTTGTTGA AAAATTTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60
 30 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120
 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840
 ATGTAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

55

EP 0 786 519 A2

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAACT TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1223 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240
 CTTGGGGTTA GCTTTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTTGGA 360
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420
 ATTGTGGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTCC ACCTATTCAA 540
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660
 AAACATAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AAACATTGG TCTATTATGT 900
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960
 ACTTGTAATT ATTTTAAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

55

EP 0 786 519 A2

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140
CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTC ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200
5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
10 (A) LENGTH: 454 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTTT 60
20 AACTTTTATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120
AGCTTGTTCTG TGTTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180
TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240
25 CATCATTGTT CTTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTAAATAAGT 300
TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360
ATTCTTGAGT CTCCTGCAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420
30 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35 (A) LENGTH: 452 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60
45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120
AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180
TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAAA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTCT 240
50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300
ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

55

EP 0 786 519 A2

AAAATCCCCC AAAGTGTGCT TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG 60
 TAAAATAAAT GGCTTTAACG CTTCTTCTTT TTCACTTTCA AGCATATCTG GTTTTGAAC 120
 CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG 180
 TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCACTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT 240
 CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA 300
 CACTTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTCAT GAATATGCTT 360
 TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT 420
 GTCGCCCTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATTA CGTTTAAATC CGTTGTACGT 480
 GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTTCCAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAGAA 540
 ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTTACC AAGACCACTT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC 600
 AGTGATTGTA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATnACTTATA CGAAATTCCA AAGCTTCACT 660
 ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGGTTT CAATTGTTCA TTAAAACGAA ACTGTACACG 720
 TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTC AATCATCCAA GTAGTCCAGT 780
 ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT 840
 AAATCCTTGA GATGGGTTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA 900
 CGGTTTCAAT TGATTCCAAC GGTTATATCC ACAATTCAAC CAAAAATAAT TCGTTTCTGC 960
 TGTCACTTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT 1020
 TAGTGTTTCT TATGCAGTTG GACGCGTATG CGAACAACTG TATACCCTTT GTTCACTGCG 1080
 ATTTTAATCG CATTTCTAT AACATTGTAG CGCCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCCAGACC 1140
 CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTITGCT TTACAACAAG TGCGACTCTA 1200
 AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTTT CTATATTTTA 1260
 TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC 1320

55

EP 0 786 519 A2

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCThAA TT 1472

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
10 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120
20 ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180
TGGAATTCTT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCTG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300
25 GGATGTGGTC TGCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360
AAAAATGGTA TAGTGTCTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTG AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480
30 TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTTGTT 600
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660
35 TTTCAACAAG GGGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780
40 TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 830 base pairs
45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60
55

EP 0 786 519 A2

	TAAAATGAAG	ACTATTTTTT	ATTACAAGAA	AATGTATCTA	GTAAACTTAA	AGTAGCAAGA	180
	CCTAATAAAT	TTAATGCATG	TTGTGCACCT	TTTTTACCTT	GGCCAGCTTC	GAAATGTTTG	240
5	TAAGCAGCTA	CACTTAAAAT	GCCTATCGTT	GATAGTGATG	CAAGGCGAGA	AATGTTTTTA	300
	TTGATAAAGC	TAGCTGAGTA	TAAAGCAGCA	GTAGTTGCTT	CTGCAATGCC	GACGTATTTT	360
10	ACAAGTTCTT	TTTGCAAGCC	AAAAGTATGT	TCAAACAGTT	CAATCATACC	CTTATCTTCT	420
	TGCAATTTAG	GTTTACTGGC	TTGGTATAGC	TCTTTCGCAA	GTTTTAAATT	CGTTGCGTAA	480
	CGCAAAATCA	TATTTAATTC	CTCCCAATAT	TTGATTTTTT	GTGAAAGATG	ATTACTTTAT	540
15	CATTTTTTACC	CGTTTCTATA	AAAATGAATC	AATTATGTAA	CGTATGTGTA	GTTTAGGAAT	600
	GTTTGCTATG	GAAATATAAT	TCTGTTCACT	CAAAATGTAT	GAAATTAATG	TGTAGTTTTG	660
	TCGAGTTGCT	CTTTTAATTT	GGTTAGATTG	TTTTTTAGAG	AAGCGGTACT	ATTTTTAAGT	720
20	GCATCAACAG	ATTTACCTTC	GTTTTGAGAC	ATTGAGTTTA	TTACAGCACG	AAGTTCTGTT	780
	TCTAGTATGT	CaGCGTCGct	TTAGCATTAG	AACTTAaTAt	TTAtAcTCTT		830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 412 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35	TTAGGACGTT	TTTACAATCA	GTACAATGAG	CTCATTGTTA	TTAGTCCTTT	AACGGCGTCT	60
	TTTAATGCTG	GCGCTACATT	TGGGCGATTT	CATCATTTAA	TTGATACTGA	AACTTTAGCA	120
	AAATTAGAAC	ATGAAAAAGG	ACATTATTAT	CAGAAGATGA	TATGTGATGA	CAATGTAGAA	180
40	ATGATTCTA	TAAATAACAT	ACCGAAATAT	CCGAGAAAATC	ATAATGTATT	AACTAATCAT	240
	GACTCATACG	AATATTCATT	GAATTTAGGA	AGTAGTAATA	GTTATTCAAA	GTATGAGCTT	300
	ACCTTAGATG	ATATTTATGT	TGGTGCTACC	TTTtAACAAA	TTATATTTAT	ATTCTAGCCm	360
45	ACtAAATAAA	AGGGkaCtaT	TTGaATCaAA	CmATaTgTaT	TAACCTTTTT	TA	412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4709 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCCGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGAsAACA ATGGTCATGA AGCTGATTG AATGTACGTA TGACTIONTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAaTTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGCC	1560
50	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAAT AGTGTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680
55		

EP 0 786 519 A2

	GTCAAACACT	AATAATGGCG	AAACGAGTGT	GGCGCAAAAT	CCAGCACAAC	AGGAAACGAC	1800
	ACAAATCATCA	TCAACAAATG	CAACTACGGA	AGAAACGCCG	GTAAGTGGTG	AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG	AATCAAGCTA	ATACACCGGC	AACAACCTCAA	TCAAGCAATA	CAAATGCGGA	1920
	GGAAATTAGTG	AATCAAACAA	GTAATGAAAC	GACTTCTAAT	GATACTAATA	CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA	CCTCAAAATT	CTACAAATGC	GGAAATGTT	TCAACAACGC	AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA	ACACCTTCAA	ACAATGAATC	AGCTCCACAG	AGTACAGATG	CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT	AATCAAGCGG	TTAATACAAG	TGCGCCTAGA	ATGAGAGCAT	TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT	GCAGATGCAC	CGGTAGCTGG	CACAGATATT	ACGAATCAGT	TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT	ATTGACTCTG	GTACGACTGT	GTATCCGCAC	CAAGCAGGTT	ATGTCAAACCT	2280
	GAATTATGGT	TTTTTCAGTGC	CTAATTCTGC	TGTTAAAGGT	GACACATTCA	AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA	TTAAACTTAA	ATGGTGTAAC	TTCAACTGCT	AAAGTGCCAC	CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA	GTATTGGCAA	ATGGTGTAAT	CGATAGTGAT	GGTAATGTTA	TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT	GTAAATACTA	AAGATGATGT	AAAAGCAACT	TTGACCATGC	CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA	AATGTTAAAA	AGACAGGTAA	TGTGACATTG	GCTACTGGCA	TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC	AAAACAGTAT	TAGTAGATTA	TGAAAAATAT	GGTAAGTTTT	ATAACTTATC	2640
30	TATTAAAGGT	ACAATTGACC	AAATCGATAA	AACAAATAAT	ACGTATCGTC	AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA	AGTGGAGATA	ACGTTATTGC	GCCGGTTTTA	ACAGGTAATT	TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT	AATGCATTAA	TAGATCAGCA	AAATACAAGT	ATTAAAGTAT	ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT	GATTTATCTG	AAAGTTACTT	TGTGAATCCA	GAAAACTTTG	AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG	AATATTACAT	TCCCAAATCC	AAATCAATAT	AAAGTAGAGT	TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA	ATTACAACAC	CGTATATAGT	AGTTGTTAAT	GGTCATATTG	ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT	TTAGCTTTAC	GTTCAACTTT	ATATGGGTAT	AACTCGAATA	TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA	TGGGACAACG	AAGTAGCATT	TAATAACGGA	TCAGGTTCTG	GTGACGGTAT	3120
45	CGATAAACCA	GTTGTTCCCTG	AACAACCTGA	TGAGCCTGGT	GAAATTGAAC	CAATTCCAGA	3180
	GGATTCAGAT	TCTGACCCAG	GTTCAGATTC	TGGCAGCGAT	TCTAATTCAG	ATAGCGGTTC	3240
	AGATTCCGGT	AGTGATTCTA	CATCAGATAG	TGGTTCAGAT	TCAGCGAGTG	ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT	TCAGACTCAG	CGAGTGATTC	AGATTCAGCA	AGCGATTCCG	ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC	TCAGACAATG	ACTCGGATTC	AGATAGCGAT	TCTGACTCAG	ACAGTGACTC	3420
	AGATTCCGAC	AGTGACTCAG	ATTCAGATAG	CGATTCTGAC	TCAGACAGTG	ACTCGGATTC	3480
55							

EP 0 786 519 A2

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTC 3600
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTC 3660
 5 AGACAGCGAT TCAGATTCAG ATAGCGATTC AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG 3720
 TGACTCGGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTC CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840
 10 CGACAGTGAC TCGGATTTCAG ATAGCGACTC AGACTCGGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG 3900
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAATC AGACAGCGAT TCAGATTCAG ACAGCGACTC 3960
 AGACAGTGAC TCAGATTCAG ATAGTGACTC GGATTTCAGCG AGTGATTTCAG ACTCAGGTAG 4020
 15 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260
 AAAAAAGAA AATAAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTC 4320
 25 ATGAAgnaAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA 4380
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTTGTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500
 30 AATACAGTTG AAAAAATAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560
 TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620
 TCGTTGAAAC TGACTAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680
 35 TTGGATGATT TCAATATGGT CcNTTCCCA 4709

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1554 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

CTTTTTTAAt TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60
 50 CATTTaaTAA gCgCTTCaC ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120
 CAGTAACTAA GCGCAATTC AGGTTGATTC ATAACAAAAC TTAAAATATA GTTATTTTGT 180

55

EP 0 786 519 A2

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300
TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360
5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTTc AAGTAyACGT 420
GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480
AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540
10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGCTCTC TTTTAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTcG 600
TTTGTAAGyT TTTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC 660
AAACCTATTc ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC 720
15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTtagA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780
TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840
20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTtagAGTA ATTAATAAGA 900
AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaa CGTAATCATT AACGGTTTAA 960
TGAAGAAGTC TTGAAGCCCC AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020
25 CaCCAGTTCC aAGTACTTca CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080
ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140
CAAAAAGAAC TCTTAAAATT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200
30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260
GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTtATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320
CCAGTttTCT TGATTTCATA TGATTGTtCT CTTttTTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380
35 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440
ATTGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500
40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
45 (A) LENGTH: 638 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCaAT GTTTGTATAG 60

55

EP 0 786 519 A2

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180
 TGTTCCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCrCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG 240
 5 TAACCATGTG TGAATAAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360
 TTTCGATTTC TGA CTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCT AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTGC GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTGCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1242 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGA CTTTAGG ATTTGTCATT 60
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180
 AAAC TTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTA ACTGA 540
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACAttATGA CATTAATGAC AATCATACAC CTTTTGATAA 600
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780
 GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

55

EP 0 786 519 A2

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTtag ATGAACAGTA 960
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020
 5 CGTTTTCAAA TGGGTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080
 AGCCTTTTta TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAAt 1200
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 744 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60
 25 TTTTtACCAG ATAAAGCGAT TGATTTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120
 ATGGGATCAA ATCCAActGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180
 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240
 30 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420
 ACAATTCCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTtCCA AGATGAGCAA 480
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTTCGTGAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTTGACCTG 660
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1449 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT	GTCTGAATCT	GTGTAACCTCT	TGCCCATGTG	TTCTGAGTAA	AGCACCCACT	60
5	GTTTATTTAC	TTTTCGTTGT	AGTCTAGCTT	CGTGTAGTAG	TTTGTTTAAC	TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA	GTCTGCCGCG	ATTTGAGTTG	TGGCTAATGT	GCCAGTTGAT	TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA	ATCTGCTTTG	GGTTTTAGCT	CTCCAATTTT	TTGTTGTAAA	AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTT	TTTCTTATAC	TCAGTCAACA	CTGTAATGAT	GTAGTCTGGA	TCTTTTAATG	300
	TTTGTTC AAT	TACATTGTCT	GTTGCGTATA	TACCGTGTTT	GCGAATAGCT	GGTgGACAT	360
15	CTGATGTTAC	CCAGCGTTTG	AATTTTCTAG	CGGTTTCTCT	AATTTTTTCG	TTTTTGCTTT	420
	GTTTAGAAGC	ATCGAAGATT	AGACTGTATA	ATCCTGATTG	GTTGATAATG	ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC	TGATGCACTA	AATTGGTGCG	TCAGTTTGTC	CTCGCTATCA	ACATGATTTC	540
20	TAATGGCATT	GTCTGATCTT	GCAATACCTA	AAATCTCAGC	AATATCTTTT	CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGT	TTCAATTCTT	ACTGTTCTTA	CTGCTAGCTC	TTTAAAAATTA	AATGTTTGTA	660
	ATGCTTG CAT	TTGAGTATCC	TCCTTTTTTC	TCAACACCCA	CATTGAGCAG	ACGTTTATCG	720
25	CAATGACTAT	CGAATGTATT	TAAACGCGGC	TCATATCATC	GCCAGcTCTC	GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG	GATGTTGATA	AGCGTGTTTA	TATTAAGAAG	TGAATGTTAC	TGATTCACCT	840
	TCCGCCACTC	TGTTAAATCA	GTAACCTTTGT	TATCGCTTTT	AACACCGTTA	AGCTTGCTCTA	900
30	ACGCTTTTAC	TACTTTTTGG	AACCTTTTGA	TAGCACTtCG	TAGCTTTTTTA	GTAATTTTCAT	960
	CTTCTACCAT	TTCCAAACCA	GCAAATGCGT	CTTCGTTATT	CATGCTTAGA	TGTTTGTTGA	1020
35	AAAGATCTCG	AGTGATCTTT	ATTTCTTTTAA	GTGATTTATC	ATAAGCTTCA	ATTTGTCCTG	1080
	AAAGGTTATG	ATATTTTAGT	TGTAGTTTTA	CTAATTTTAA	TGATTGGTCT	TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT	TAAGATGTTT	GTTTGCGTTT	CGTGTACTTT	GTGGGTAAAA	AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG	TCAAAAAAAT	CAGCGATAAT	AAACATCTCA	TCATTCTTAA	ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT	TTTAAACGAT	AACCTTCAGT	TGATATATTC	AAGAGGTTTG	CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC	TTTCTTTCTT	TTCTCAACTT	TATTAAATTC	CATTGCATGT	TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA	AACCTACTAT	ACACGATACG	GTACTTGnGT	CAACATAAAA	GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT						1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1170 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

```

5  ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA      60
   AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT ACACTTTAGA      120
   CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAGAA TTAAAAGCAA AAGGTGATAC      180
10  AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTTCAGATA CTGTAATTCA      240
   TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAAACTGGGT TGAAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC      300
   TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT      360
15  TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC      420
   TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA      480
   TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC      540
20  AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG      600
   AGATTTCAAT TATTTTGAA TTAAC TATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT      660
   TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA      720
   CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC      780
   AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT      840
30  GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT      900
   TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT      960
   TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA      1020
35  AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA      1080
   AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT      1140
40  TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT      1170

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

```

45  (A) LENGTH: 1393 base pairs
   (B) TYPE: nucleic acid
   (C) STRANDEDNESS: double
   (D) TOPOLOGY: linear

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

```

50  TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA      60

```

55

EP 0 786 519 A2

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGTA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTTATGTCT 240
 5 TATGACGATA TCATTTCATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA 420
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAAT CATTGAAAA CTTTGTCAAT 540
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600
 15 CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780
 CATTTATACG TGAACCTATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960
 TGAATTGAC ACAAACTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

45 (A) LENGTH: 1484 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACCTGAA AGATTTCCCC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

55

EP 0 786 519 A2

AAAAAATTAAG AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT 180
 CAAACAATGT AGTAAGwATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA 240
 5 TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA 300
 TATtTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAAGATT 360
 TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTGT 420
 10 TTCAAACATA CTTTAAAAAT TTAAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT 480
 TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG 540
 TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTCCT ATTATAGGAA 600
 15 GCAGTGGTGT TGTTCATAAT TCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA 660
 AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG 720
 20 ATGCTATGCA AGCAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA 780
 ATGACTCAAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA 840
 GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA 900
 25 CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTG AAAATTTCTG AACAGCTTAA 960
 GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT 1020
 TCTATGAGAA TAGATATTGT TAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTT ACAAGAGTCA 1080
 30 GAAGATTATT TAGTTCATAG TTAAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA 1140
 CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA 1200
 ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT 1260
 35 TTGCAAATAT AACCGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA 1320
 ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT 1380
 GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC 1440
 40 mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT 1484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1435 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

55

EP 0 786 519 A2

CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTG TTTGATTTC TTTTCAGTAT 120
 TATTAACTTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT 180
 5 TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG 240
 CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG 300
 ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTG TTAATGGTTC GATTGACCT CTTGTTTCAT 360
 10 TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT 420
 TTTGGGCAGG TGAACCTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG 480
 15 CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT 540
 CATTAATAGT TACATGCCCC TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA 600
 AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG 660
 20 CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA 720
 TGTCAATATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT 780
 CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC 840
 25 TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTGAAG ATCTATATCG 900
 ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGrTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAct 960
 TTACCAGATT TGTCCGTTGT GTATTTCAAT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA 1020
 30 TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTCG GTGAATATCC TTTGGATAAG 1080
 TAATGTTCTG TCAATTTCTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA 1140
 CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT 1200
 35 GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT 1260
 TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTATC TCTCGAAAA TAGCTAAAAC 1320
 40 TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGAATT CGGATAACAG 1380
 TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC 1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 516 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

EP 0 786 519 A2

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTCTG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120
AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180
5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTGT TTACGCGGTT CTTCArTTGA 240
AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCAATG 300
10 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360
AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420
AGGCGTTCCA GAGaTGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480
15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1955 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTGT 60
GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120
30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCACTTTT 180
TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240
AACACCTAAT TCATAAGCTT CTGGTTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300
35 AATAAaCTTTA GGATTTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360
ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420
40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGAaCTC TTCTTACTAT TCACAaCTAA 480
ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTGT 540
TTTTTGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600
45 TGGTTTTAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660
TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTGT TGCAACTCAT TACTCCATCC 720
AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780
50 TTCATACCAA GATTTCAaTTT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAaATGCA TCATCAATGT 840
ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCACCGA CTCTATTCCA 900

55

EP 0 786 519 A2

AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080
 5 ATTAAATGTT GGTGCTGAC TGTATGCTAA AATTTCTCCA GTTTTGCCAT CCATGACAAC 1140
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200
 10 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260
 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380
 15 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGATA 1440
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500
 TTGTCTCTGA TACGTTAAAT TTGTTCCCTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTCTT 1560
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCTCTGG CTTTATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTT 1680
 ATCTATTACT GCAACAAGT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740
 25 ATCATATATC TTTCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCAATTGC 1800
 CTTTATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTTCTTAA 1860
 AACCAATATA AAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 704 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTTGGCT 60
 45 CATTGTAGAC TAAATATATA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

55

EP 0 786 519 A2

	TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA	480
	GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA	540
5	ACATTGTAAA TGAGCTGTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA	600
	TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG	660
	GGTAAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATtAAAACAT TAAC	704
10	(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:	

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

	CCTCTAAAGG	ATCACGAACC	TTTTTCATCG	TGACTAAGCC	TATAATACCC	TTAAACCTAT	60
	TATTATTAAAC	TTTACCTCT	GTGTATTCCC	TATCAATTAG	GCGACGCCAG	TGACGTTTAT	120
25	CTATATACTT	TACTTTCACA	GTCACCAACT	CCTTGTCAAT	ATTATATAAA	ACTACATAAA	180
	TGATGTCATG	TCATGATACA	GTTTTATAGT	TTTTGTTAAT	CATATGAAAA	TATTTATTAT	240
	TATTTTACTA	CAACTCGCTT	CAATTTACTT	AAAATAGACA	ATATTAATTA	GATAGTACAC	300
30	ACATTTCTTC	ATAAAAGTGA	TTTTTCAAAA	ATATAAATAA	CACACTCTTA	TCGTTTTCAA	360
	AATCATTTAA	TGCTATTTTC	ATTAAAAACA	GCTGAAGCAT	CAAATCTATT	CTGATTCAAT	420
	CAAGAATACA	TATAAAATG	AAGTGACTCA	AAGGTTTATT	AACAACCTTC	AAACCACTTC	480
35	ATTGATCACT	TTTATTTTAA	AGCATATTTT	TCGATTACTG	ATTTAAGATG	CGGATATTGC	540
	GTAATTAATT	CAGATTGCTT	AAACAATTCA	AACTGCTTAA	ACTCAAATGC	CGGTTGACAC	600
	ATACAACCTA	CTAAACTAAA	AGTATTTGAT	ATTTGCGATTG	AAGAAGCAAA	AATTGTTCTT	660
40	TTAGGCCACTA	CATATTGCAA	TACATCTCCA	TTTTGGATAT	CAGTACCCAA	TGTTGCAGTC	720
	GTATATTCCC	CATCCGGATT	TATCATATGA	ATTGTTAGAG	AATCGCCAGC	ATGATAGTAC	780
45	CATACTTCAT	CAGCATCAAT	TCGATGAAAA	TGCGAAATAT	TGTCATCTGT	AAGTAAAAAA	840
	TAAATACTAC	TAAACGGCGC	TCTGCGTCCA	TCTTTCAATA	CTTCTCGAAT	TGTCTCTCTA	900
	TAGAAACCAC	CTTCAGGATG	TGATTCAAGT	TGCAATTcAT	CaATCCATTG	TTCTGCTGAT	960
50	TTCATTATTT	CAAAATCCACA	TTATGGAATA	CGTTTTGTAC	ATCTTCTAAA	TCTTCTAATG	1020
	CATCGATTAA	TTTTTCAAAT	GTTACTTGGT	CCGCTTCAGA	AAGTTCAATA	TCTGTTTGAG	1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 601:

```

5          (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
              (A) LENGTH: 827 base pairs
              (B) TYPE: nucleic acid
              (C) STRANDEDNESS: double
              (D) TOPOLOGY: linear

```

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEO ID NO: 601:

15	TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAAnTCtTnT AATGTGGTG TGAAATAAAC	60
	ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC	120
	ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC	180
20	CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT	240
	TTGTGCACCC TTTGGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTC CGTCTGC	300
	AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTA CTTG TTTCATGAAC	360
25	ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCTTTAA CGTCGTAGTT	420
	TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTTTAA AAATATCATT	480
	ACTITTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTTA CCAACA ACTA CACCAGTACC	540
30	ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC	600
	ATTCTTTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGARg CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG	660
	AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTAAACCATT ACATTTTAT TCATATTTTA	720
35	CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTIAC TATATACATT	780
	TTAAATAAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACC ACTIAT nAACGTT	827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

50 nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT 60
ACCAATGTTC CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT 120

EP 0 786 519 A2

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540
 GTATTTACCA TAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAAAAAAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720
 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780
 20 GATGTCACGA TTCAAG 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1618 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAaCgAaAa TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTTA 60
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTamaCAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600
 AGAATTACAA GTATTTTtag CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660
 55 CTTACAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

EP 0 786 519 A2

ATATGAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020
 GAGATGATAT TTTCGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080
 10 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200
 TTTGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAGA CATTGCCCT TCTACTGAGT 1260
 TGCACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500
 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560
 25 ACTTTAATAA TTACTAACT TGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2115 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60
 40 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120
 AACAGAGTAC GTTAAAATCT GCATTTCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtca 240
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGA ATCATTAAAA GCTGTGAAAG 420
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

EP 0 786 519 A2

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTT TCTATATCTT 720
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTTA 780
 GGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTGTAGTA AAATGACAAA AATTGCATGT 840
 10 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTAAA AAGACCTTGT 900
 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATA 960
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080
 TATCTTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTGATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAAT 1380
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAATTGCG 1500
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800
 AAACCGAAAA ATGTATTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040
 AAAGTTTTCG GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100
 ATTAACCGA TAGTG 2115

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 55 (C) STRANDEDNESS: double

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5 TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA 60
 ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA 120
 ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA 180
 10 TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA 240
 ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT 300
 TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA 360
 15 ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC 420
 AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA 480
 20 ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG 540
 TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTG TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAAATTA 600
 CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG 660
 25 GAAaGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC 720
 TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG 780
 AGCGTATGTG CTATTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG 840
 30 ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAAAT TTCCCATCAG 900
 TCCAATTTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG 960
 35 TCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 1097 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45 GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATThGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG 60
 50 GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA 120
 ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG 180
 TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTAT CGTTAACTAT 240

55

EP 0 786 519 A2

CTTTTGTTCAT TTAAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420
 5 GCTGTTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATACAGAGA GTTTGCTTGG 720
 15 GTTCAAGATA AGTTTGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTGCGAC 780
 AGCtTGgAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTACCTAT GTATTTCTAT 840
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020
 25 GACAACCTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2031 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTAA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60
 AAGCTTTTTC TTAAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGGA CTTTTAATT CTTTATTAA 120
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAATC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTGC 180
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240
 TTTGCCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTCAATTG TTCGTACATT 300
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

EP 0 786 519 A2

TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTT TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT 660
CGGAACACTG ATAGCCAATT TGACTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC 720
5 AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG 780
TGCTTTAACG ACTTTTTCOA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA 840
10 ATTTATAACT TTACTIONAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTATGTTA 900
CGTCGGTATA AACTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC 960
GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTAATCA TAAATTTACT 1020
15 TCAAAGTTAC CTATCGAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA 1080
ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTGTTAC CGGTTTTTTA 1140
GGTGGCTTAA CAACTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA 1200
20 TTTAATATTA ACCTTTTCTT CAATTATTCA CTTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT 1260
TGTTATATTG GCTATCATAT TAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAAATTAC 1320
GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTTCATCAA ATTTTAAAGC ACCATATAAT 1380
25 GCCTACCAA TTTCAATAAT CTGTGTTGCC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT 1440
CCAAACTAGT CGAAAATAA GGGAGTGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT 1500
30 AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA 1560
TGGcTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGcTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG 1620
GAGTCTCGCC ATTAATAcTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAA 1680
35 TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG 1740
ATATTTGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT 1800
TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT 1860
40 ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA 1920
TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA 1980
45 GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C 2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnTCCTGC GTGACATGCA GCGTGTTAA CCGCTACACT 60
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGC GGAGGC GGATTTGAAC CACCGACCTT 120
 5 CGGGTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240
 AATGTTATCT CTTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360
 AAAAACGCTT CTtATTCCT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540
 GTAGCCcTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCCnTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 843 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420
 TAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTTGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATTT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

EP 0 786 519 A2

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780
ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840
5 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAG TTTTACATA TTTCAACAA CTTTATTTC 60
20 AATAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120
CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAATA CCGATGTTGA TGCACTGTC GTTTCGTTG 180
TATTGCTCTT GGAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTGTGA TCTTTTGCAC 240
25 CTTGAGGTGT CGCAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTAT 300
CTTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTAAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360
30 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGAAGA AACCATTTT 420
CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480
TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540
35 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTTATAAAC 600
TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660
CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720
40 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60
55

EP 0 786 519 A2

TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240
 5 AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300
 GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGCTAGCTTG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCATTGGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720
 20 GTTTTATG 728

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 913 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTCTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAG GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAAGACAC 120
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360
 45 GCTGTATTGC TAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTTCTAG AAGCTGTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540
 50 ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660
 55 TCGATTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCTT 720

EP 0 786 519 A2

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900
 5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 654 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60
 20 TTCCACCCCA TTAATTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120
 TCTGTAAAAT CATTGAGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180
 ATCGTATTCG TTATTTTGG CTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240
 25 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300
 GGCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420
 ATCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTTACAAT TGTATTCGAT 540
 35 AGAGtAGgCA TAGCCTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

50 TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60
 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120
 55 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180

	ATAAGATTTA	TGACATACAT	TACAATAAAA	ACGATTTAAC	GTGCCATGTA	ATTCATCAAC	300	
	ATGTTGACTT	CCAGCGTCTG	AGTGCAAACC	ATCGATATTT	TGCGTGATGA	CACCTAAAGA	360	
5	TTGTTGATTA	CGTTCTAATT	TTGCAATCCA	ATCATGAACG	ATATTGGGCA	TCGTATCGAC	420	
	AAATAGTAAG	CGCTTATGGC	AGAAATTGAT	AAAACCTTCA	GGATCATCTT	CTAAATAATC	480	
10	ACGGCTTAAC	AAGTATTCTG	GCGAAAGCCC	ATCTTTTGaA	ATTTCATCAA	ATAAGCCACC	540	
	CATTGaACGG	AAATCTGGAA	CGCCACTTGC	GACAGATACA	CCAGCACCTG	TAAAAAATGT	600	
	AATACGATTC	GAACTATCTA	TAATATGTTT	TAGTGTCTCT	AA		642	
15	(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:							
	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:							
	(A) LENGTH: 1210 base pairs							
	(B) TYPE: nucleic acid							
20	(C) STRANDEDNESS: double							
	(D) TOPOLOGY: linear							
	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:							
25	TTTCCCcNcC	CcNcCAAATA	TCCAAnGGAA	CTTTAATAGT	CCAATTGGCA	CAGTAAAAC	60	
	ATGGCATT	TTT	ATAAGTATAA	TATATCTGTA	ATTTATGGTC	AATTAGTAAA	TTGTTTTTTA	120
30	TTTGAAACAT	ATTTACATc	AAAATCACAA	AGACTTTTAG	ATTTTGtTCT	AAAAATCTCT		180
	TAATAATTTA	TTTAATGAGA	AGAGTTGCTT	ATATAGTAAA	TTGTGAAGCC	GTTAAACAA		240
	CGTTACAAAA	CCTATATCTT	TAATACGGAA	CCATATGGTA	TGAATCAAGG	AATACTTAAA		300
35	CTAAAAC	TTT	TCTATCAGAT	TTATTTGTTG	CGAAATCAAC	AACTTTAATT	GCTTGCCCTT	360
	CATTTAATGG	ATAATTTGCT	TGCGTAATTT	TAAC	TTTTTAC	AATTTGACCT	ATGAGTGATT	420
40	CGTCACCTTC	AAATGTACT	TTCATATAAT	TATCTGCATA	TCCA	ACTAAT	GTACCTTCTG	480
	TGtCACCCTG	TTCCCTCAGGA	ATTACTTCAA	GCACATCTTG	ATCAAATTTA	GACGCATATA		540
	ACTTTCCGAG	TTGATTGCTT	AGCGTAATTA	ACTTATGCAC	CCGTT	CATTT	TTAATTTCTT	600
45	CATCAATTTG	GTCATCCATT	CTTG	CAGCTG	GCGTGCCAAT	TCTAGGAGAA	TAAGGGAAAA	660
	CATGCAGTTC	AGAGAACTTA	TGCTTTACGA	TAAAATCATA	TGTTTCTTGG	AACTCAGCTT		720
	CAGTTTCACC	TGGGAAACCA	ACAATTACAT	CACTCGTAay	TGCCAAGTCT	GGTAAAGCTT		780
50	TATGCAATTT	TGTTAATCGT	TCTGAAAATC	TATCCATTGT	ATACTTACGT	CTC	CATACGTT	840
	TTAATACTGT	ATCTGAACCA	GATTGTAATG	GAATATGCAA	ATGACGCACA	ACTTTTGTG		900
55	AACGTTCTAA	AACGTCAATT	ACTTCATCTG	TAAGTTGACT	TGCTTCAATT	GAAGAAATTC		960

EP 0 786 519 A2

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCTCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAA CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATAcAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200
 TTAATGACGC 1210

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 652 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTATG 60
 CTGAATTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTtCAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTgA TAATTCACtA CCaAAAACAC 300
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTTCTCCA 420
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGT TTC 540
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 798 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

TnACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60
 TTcATCaTGG GTTTTCAAAA TGxTAACACA CCATTGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120
 55

EP 0 786 519 A2

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300
 5 TTAAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTAA TAATGTCTTT ATCTAACCAA 360
 GTGTTGATAA GTTCATTTGG TACACCATCT AACACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420
 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480
 10 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540
 CTTTAAACT AAAATCATCA TTACTIONTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTTC 600
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAACGTT 720
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACCTTGTT TAATTTTAAG GGACTIONTc AGGGATTTGG 780
 20 AGATTGCGCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 1786 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTGTGA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCG ATTATTAATA 180
 TCTGTGTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTC 240
 40 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACTTC ATAATTTtCA 360
 45 TCATtAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACTT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720
 55

EP 0 786 519 A2

ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTTGA 840
 ACCAATTGGA ACGACGCCCTG TWTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT 900
 5 TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT 960
 CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC 1020
 10 TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC 1080
 AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA 1140
 CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG 1200
 15 AAATCATTTT TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT 1260
 TTCATGTGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTCAT 1320
 GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC 1380
 20 GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA 1440
 AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC 1500
 25 TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG 1560
 ATTCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT 1620
 ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT 1680
 30 GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCGTT 1740
 GCCCATCCTT TCTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA 1786

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 844 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45 ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC 60
 TTTTGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT 120
 GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTAAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA 180
 50 CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT 240
 GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA 300
 55 CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC 360

EP 0 786 519 A2

TTACATTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTCGA ACATTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGtTA GGAGCATCAC TATTTTtCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAAGTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660
 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720
 10 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780
 ATTGGTAAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCTC TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840
 15 TCAT 844

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 20 (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120
 CAnTAATATT TTGAAGTTT TAAACATTGT CTTTAaTCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180
 CACTGTTAAT GATTGAGTA CTTTAAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480
 CCTAAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTCT GCGCCAGTT 540
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 50 (A) LENGTH: 523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60
 5 GAAAGTTTTG AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300
 AATACACATT TATTTGTAA TAAAGTGTAT GCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCTTA 180
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAACTAGGT GGCATGTTAT 240
 TGCTTATTTT AAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTTG 300
 tGCATATGCA CAAATCTTA TGTGTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360
 40 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTcAG GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCATAACT 780
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

EP 0 786 519 A2

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACCT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140
 10 ATATAAGAAT TGTACAACCT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260
 TGCAAATACA GGCCTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GGCGATAAGA TAACATTAGG 1440
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620
 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680
 25 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860
 AAGTAGTTnA A 1871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180
 50 CAGAAGAACA TCAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcaAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGGAAG 360

EP 0 786 519 A2

ATTAgGGGGT GtTtnGTkTn ATTTTTTTAA n 451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 665 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

15	CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
	AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT	120
	GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT	180
20	GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
	TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTCA CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
	aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
25	AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
	GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA	480
	TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
30	TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
	GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
35	GTAAT	665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

	GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
50	AGAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
	ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTTAACTT	180
	AATTCCTGTC AACCATGTTC CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240

55

EP 0 786 519 A2

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTITAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCTATAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCyCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTGCGTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTAAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTTTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
30	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGA TGTCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGTAT kGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040
55		

EP 0 786 519 A2

	AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC	2160
	TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA	2220
5	TGTTTGTTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG	2280
	AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA	2340
	AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG	2400
10	GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAAAATG CCAAATGTCA	2460
	TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA	2520
15	CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG	2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
20	(A) LENGTH: 2286 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

	TGCTTACITC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA	60
	TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA	120
30	TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACCAAT TCGAATATCT CTGTCATGAA	180
	TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT	240
35	CTAAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA	300
	ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT	360
	GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTGATCTA AATCATTAAC CTTAATAACA ATCCCATCAA	420
40	TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTT AATATACTCT AAAACACCAT	480
	CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT	540
	CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA	600
45	ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG	660
	CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC	720
50	GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT	780
	TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG	840
	TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG	900

55

EP 0 786 519 A2

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020
 TGTTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140
 TGTTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTTCT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380
 15 AGGCTTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTTCG 1440
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTGTATCG 1500
 TTTGTGCTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTC TGGAAATTCC TTTAAAAATC 1560
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCATTT 1680
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980
 GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040
 35 CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG 2100
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160
 CATAGTTTGT AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTGGA ACATTaATAA 2220
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280
 CTTTGA 2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

55

EP 0 786 519 A2

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTGGG 300
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360
 10 TThATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 453 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180
 AATTCCTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAAATGG AATCATTTTA 240
 30 TTakTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300
 TCAACAACCT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTCTT GTTAATTTCT 360
 AAAACTGCTC CTCTrGATT CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420
 35 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTTA AAT 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60
 50 CTCAaTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120
 GCaATTTTCT TCATTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTCG CCATCATTTG ATCACGACGA 180

55

EP 0 786 519 A2

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTC AATGTTTCGG GTGTTTTIACC TTCAAGGTTT 480
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAAT 600
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTGT GAAATAATGA 900
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCATAAATTT 1080
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140
 TrCCAATAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTAATGCAT AATTAATCAT 1200
 30 TTCCCATTCG ACTGCATAAC T 1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

TGGCCCAAT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60
 45 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATGTGTGTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

55

EP 0 786 519 A2

TTACTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480
 GATTTTTTAAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540
 5 GTACAATCAT TGCACTACCG AAACGCTTTA TCGCATT CAT CTCTATTCC CTCCATATCA 600
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTC ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780
 GTTGATTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840
 15 TATATAATGA CATACAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900
 AGGTTGAATA TGTMTT TAGA TGAACACATT AATCGAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960
 GATTTACATA TCGCTCACCT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAAA 1080
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4005 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60
 TGCGTCTTAA AACCATGAAA TTTAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120
 CGATATTCTG ACAAAACATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTGTA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420
 ACTGTTTAT AAAAACTTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480
 ACAACAATAA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTCCTAA TTCATGAGGA 540
 50 CGATCTAATA TGATTTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

55

EP 0 786 519 A2

TAGTAATTTT CGAGTACAAT CCGTTGTCCT TCACCTAAAA TTCGAGAACA ACTTAAAAAG 780
 CCTCTTCCAT CATACAATTC GCGTTTTACT TTTCTTCTTT TATGATCAAA ATAATTCACA 840
 5 TAATTTAATT GATGATACTG TTTATCTAAA AAATGAGCAT ACATTACAAA TTGCTCTTCA 900
 TCATATATTC TGACATCATT TGAATTTTCC ACAAATTTCA ATGTGTACCT ACATGACTTT 960
 10 TCCCAATACT GTATCCAGTT AACTTGCTTT GTCTTTTAT AATTGATTGC TTTTGGAAAA 1020
 TAGTCATACA TTGTAAATAC ATCATTTTCA ATCTGATGTT GCTTCGCATA TGTGTATGAA 1080
 TAAGGATTCC ATTTAACATA TACACATTTT GAAGATATGC CGTGTGTTT GAACAACTTC 1140
 15 AATCTATTTA TTTGCGCTTT TTCTACACCT GTAATTTTAC TTTCTAAAAT TGTTCCTAAA 1200
 ATGTAATTCA TATTATCGCC TCATATAAGT TTTATTCCGT ATCTTTATTG TTTATTTTAT 1260
 ATGAAAAATA CATCTATTGC ATGTGTAATT ATAAAAAAC CAGGCCACAA GGACCTGGGT 1320
 20 CATATTGTAT TATTTGTTTT GTTTTTTGCG ACGACCGAAT AACAATAATG AACCTAATGC 1380
 TGCAATAAT CCACCAAATA ACGTTGCGTT ATTTGAGCCG TTATTTTCAC TACCTGTTTC 1440
 TGGTAATGCT TTTGCTTTAT TGTGATGGTC TTTAGTAGTA CTCATTGGTT TAACAGGTGT 1500
 25 ATGTTTTCTT GCATCCGAGT CTGAATCGCT GTCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT 1560
 ATCAGAGTCT GAGTCGCTGT CCGAATCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA 1620
 ATCTGAATCA CTGTCTGAGT CTGAGTCGCT ATCTGAGTCT GAATCGCTGT CTGAATCTGA 1680
 30 GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA ATCTGAGTCG CTATCTGAGT CCGAATCGCT 1740
 ATCTGAATCT GAGTCGCTGT CTGAGTCTGA GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA 1800
 35 GTCCGAATCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT GTCTGAGTCT GAATCGCTAT CTGAATCTGA 1860
 GTCGCTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCCGA ATCTGAGTCG CTATCTGAAT CTGAGTCGCT 1920
 GTCTGAATCT GAATCACTGT CTGAGTCTGA GTCGCTGTCT GAGTCTGAGT CGCTGTCTGA 1980
 40 GTCACTATCT GAGTCTGAAT CGCTGTCTGA TGTATCTTCT TCGAAGTATC CGTTATCAAG 2040
 TGTGAAATCA TCATGATCCG TAATTGTTAC GTCAACTTCG CCACCATCTG CATCTTTATC 2100
 ATCTTCAGTT GTATTTGTAA CTGTTTGTGT TAAGCCAGCA GGCTTTTCAA AAATAACTTT 2160
 45 GTATTTACCG CTATCTAAAT TATCAAAGCA GTATTTACCA TTTTCATCTG TTTTAGTTGT 2220
 TCCAATTACT TCGCCTTTTT CATTTAATAA AGTAACTTTA ACATCTTTGA TACCTTTTTTC 2280
 50 AGTTGAATCT TGTTTGCCGT CTTTATTACT GTCGTACCAA ACATAATCAC CTAAACTATA 2340
 TTTTGGTGTT TTATAGAAAC CACTGTCTAA TGTCATGTTA TCTGCATCTT TAATGACACC 2400
 TGTGTTGTTT AAACCATTAG AATCTTTTTT AGTATCATTT CCAGAAGTTA CTGAAGTTGG 2460
 55

EP 0 786 519 A2

TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTTTTAA AACTTTGTCGT TTTCATCTTT 2580
 TAACGTAAC TTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT 2640
 5 TGTATCTTCC CATACATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT 2700
 AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTGTGTGAT GTACCATTG AATCTATACC 2760
 10 TTTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTTGG TGTGTAACCT GATGGTGTGTT CGAATTCAAC 2820
 TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT 2880
 TGTGTGTAAC ACTTCACCGT TTTCATTTTT CAATGTAAC TTTACGCCTG AAATACCTTT 2940
 15 TTCAAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATACTAAT TACCTAAATT 3000
 ATATTTTGGT GTTTTGTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAATAAC 3060
 ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTAGTGTAGT 3120
 20 CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT 3180
 AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT 3240
 TTTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTGGAT ACCATTTTTA 3300
 25 TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT 3360
 GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAACTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT 3420
 TCTTCGTTAT TACCTTGTGTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTGGTAA GTTTGAAAAT 3480
 30 TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA 3540
 ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA 3600
 ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA 3660
 35 CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA 3720
 TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTG AACAGTGTT 3780
 40 GGGCTTTCGC TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT 3840
 GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT 3900
 TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA 3960
 45 CCTTTAGGAA CTTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT 4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

5 TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA 60
AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG 120
AAAAC TTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC 180
AACTTCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC 240
10 AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC 300
CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG 360
15 CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTCA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAATCA 420
CAAACCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC 480
TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG 540
20 ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTTAATTAAC CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA 600
TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTATT CTACTAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT 660
ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT 720
25 TCATGGTTTG CATTTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTCAT 780
TACGGTACGA TTA AAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTAGC 840
30 AAAATCATCA CATTATTTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA 900
ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA 960
TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTGTGTTG CGTTTGGTTA 1020
35 GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT 1080
GTAGGTATTG TTTTTTATT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTAA 1140
GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA 1200
40 GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAACTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT 1260
ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTCAAGAA GAAAAATATT 1320
TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT 1380
45 TTTCAAATCC CTTACCCCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1323 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear
- 55

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 633:

	GCTGACATAA TTGCATCAAA TTTCACATCC CCATAAAAAT CGCTACCACA TAACCTACGA	60
5	TAATACCTAC AAGAACTGGA ATTAAAGATA GGAATCCTTT AAAAAATCCT TGAACGACTA	120
	TTGTTACAAG CAAGGTTATC ATTGCAACAA TTAAGAAACT GATATTGTAA CCTTTCATAT	180
	CTCCAGGATT TTCATACATT GCCATATTGA CTGCAGTAGG CGCTAAGCTT AAACCAATTA	240
10	CCATGATGAC TGGTCCAACA ACAACTGGTG GTAATAATTT CATTAACCAT GCTGTCCCAC	300
	TTAATTTGAT TAGAATCCCC ATGATGACGT ACATAACACC ACTCATGaAT AATGCTACAA	360
15	GCATGTCTCC TAAGCTATGC GTACTTAATC CCGTGATAAT TGGCGTGATA AATGCAAAGC	420
	TAGATCCCAA GTATGCTGGT ATTTGCGCCT TCGTTATTAA GATATAAAGT AATGTACCGA	480
	TTCCCGAAGC TAGTAACGCT GCTGATATTG GTAGTCCTGT TAAGAATGGT ACTAGTACTG	540
20	TTGCGCCAAA CATCGCAAAT AAATGTTGTA AGCTTAAAAA TGCCCATTCG GCTGGTTGTG	600
	GTTTTTCATT TACATCTAGT ACGGGTTTTA CTGTTTCGTC AACATTTCA TCATTTTGCA	660
	TAATATTCAT TTCCTCCGAT AATAAAAAAA TCTCTTTACA TCAGTATATG TAAAGAGACA	720
25	AAAAGTGTA CAAGTTGCTA CAAGTCATTT TCGTCCATAG AAATTGACTT ATAGTTGTCG	780
	AACATGAGGG TATTATTAGA TAAACAAGCA TATGAAACT TATTTATCAT TCAACTCCCC	840
	CACCTTTTTC AGTCTCTCGT ACTGAATTAA AAGGGGtATT ATTTAATTAT AACTGCATTT	900
30	CTTTGATCca TTtCTTCyAA ATAGACACTT ACCGTTTCCT CTTTAGAAGT AGGTawATTT	960
	TTACCAACAA AATCTGCTCG AATTGGTAAC TCACGATGTC CTCGATCAAC CAAAGCAGCT	1020
35	AAACCAATTT TAATAGGTCT AGCATTTAGC AAAATAGCAT CAAGTGAAGC ACGAACCGTT	1080
	CGACCAAGTAT ACAGCACATC GTCAATAATG ATGACTACTT TATCTGTAAT ATCTGTGTG	1140
	ATGTCTATTG CGTCTTTTGT CGTAAGTGAT GACATGTGcT CTATATCATC TCTAAAGTAT	1200
40	GTAATATCAA TTGTTCCAGT AGGTATACGT TGTGCTCAA TTTGATGAAT TTtATCTTGT	1260
	ATACGATTCG CTAAATATTC ACCTCTTGTh TTGATACCTA AAAGATTAAA TTATCAGTAC	1320
	CTT	1323

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 634:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 761 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

ACCCATCTCA TCGTATTTTG AATTTAATAG ACGAGATCGA TGTATATCTG AATTCATCCC 60
 AACTATGGAT TAATGTTGGT ACATCATtAA cGCATAACCA ACATTTTGAG CAGTTGTTTT 120
 5 ATAAGTAACG TGATTTTtAT CTAATTGCCC TCTTAATGCG TCCTCTGTAA ATTCAACACT 180
 ATCAGAACCA TTAGAGGTCG CTTCATATAA GTTATTAGAT GCAATATGTG CTAAATCGCT 240
 ATTGATTtTC AATGGTtTTA ATCCTtTTAA TTTTCTCATT TCATTCGTTA CTTCATAAAG 300
 10 AGAAATTAAT TGATTTGGAT TTTGCTCAAC TGGACGCTTA TTATGCTCTT CTGACGTAGA 360
 ATTAGAATTT AATTGATAAG GTTCAATATC TGCTAACATT TCTTTTGTTA AAAATCGTAC 420
 15 ACTTAGCACC TTTTTCGATT GTTGATCAGA ATACACTTGT GCATATATGT CGCCATATTT 480
 AATCaGTGTT TGTGTTTTTA AATCTTCATC TGAAAGTTCA AATTCATATT TTTTACCATC 540
 AACTTTAAAG GACGGTTCG GATTAATACT TGTATGATTA AAAATTTCTG CAGAAATGTTG 600
 20 TCCTATTTTT AACGGACTAA CATTGACTTT CTCACCTGTA GCATACACTG AAACGATtTC 660
 TTCACGTTA GTTGAAACAA TGTAATAACT GTTTTGTCT TTAACACAT AATTTTGTGA 720
 rCCATCTCTA AAAGGGTAGA CrCGATCTGC TTGTCCAAAT T 761

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 635:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 635:

nTAAATATAT TTATATATTA TAGAATAGAA AGACCTGAAG ATTGAATATC TTTCGCAAAG 60
 CCTTTAACTG TATCTACTGA TAATTCGTGA ATATCGCGAC CTAAGTTTGT ATTCACTTTT 120
 40 TTCACAACAT CTGCTGGGCA TGTAATAATA TCTGCACCAA TTTCATCAGC TTGAATCACA 180
 TTGAATAATT CGCGGCAACT TGCCATAAT AATTTAACGC CGTCTTTACT ATGCGTAACT 240
 TThACAGCCT CTkTCATTAA TGGTaATGGA TCTACGCCTG TAtCTGCAAT ACGTCCTGCA 300
 45 AATACTGAAA CATATGTTGG CACACCTTCA GTTACTGCTT CAGTTATTTC TTAACTTGT 360
 TCAATTGTGT AAACAGCCGT AACGTTAAT CTCACATTGT CAGCTGAAAG TTTTTTAATT 420
 AAAGGAATCG TTGATTCAAC TTTTGTATTT ACAATAGGAA TTTTAACAAA TACATTTTCG 480
 50 CCATATTGTT TAAAAATTGC TGCTTCTTTk TCCATAGTTT CTAAATCGTC TGCAAATACT 540
 TCAAATGArA TTGAAGCATC TGGAATTTCT TTCACAGCTT CTTCAGCAAA AGCTTTGTAA 600

55

EP 0 786 519 A2

TTTTTATAAG CTGCTTTCAT TnCTTCAATA TCTGCACCGk CCGCAAATAC TTCTACATTT 720
 AGTTTAGCCA TATAAYATAG CCTCCTTGAT TCTTATTAAA ATTTTAACAA CATCTGCATG 780
 5 kCTTTTTCTT ACAACCATTT GTAAAAATG ATTTTTATTT CTTtGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 636:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 10 (A) LENGTH: 1478 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 636:

TTAGTCGGTA TAACCATCGG CTAGGTGGTT TTTGTATTAA AAAAGTGGAT aCCTAAAATTT 60
 20 ATTAATAATT ATTTTAATGT TAGAAAAAAA CTAAATAAAA ACTCGCTAAT GATATCCAAT 120
 AATATGTATA CAAAACGAGA CATATATTGC ATATGATTAA CGAGATACTG AAAATATTTT 180
 ATCACCCTTA AAATGATTAT TCATTTTCAG CGGTAATTCG ACCTAAAGTC AAACCTACAA 240
 25 TAAAACCGAT GATAAATACT ACTAATGAAA CGAACCACAT CACGATATTA GTTGGTAAAC 300
 CTGGAATAC TGCAAAGAGG GAGCCAACAA CAAAACCAAT GATTAATGCA AAAGTCATTA 360
 GTTTATGATG TGTTAGGAAA TACTGGATAA TTTTGCTTGA AATAATGAAT CCAGCAAGCA 420
 30 CGCCAAATCC GACTGCAAGT AATATAGGAA GACCTGCAAA GTTAAGTTTA ACAACTTCAG 480
 ATATTGCTAG CATGACCGTA CCATAGACGC CAAATACTAA TAACATAAAT GACCCTGAAA 540
 TACCTGGGAG TAACATAGCA CTAGATGCAC ACATACCTGC AATAAAATAT TTAATAATAA 600
 35 GACTAGTTGA TAGAGTAAGT GTTCTCCAG CATGTTTATC ACCATTATTC ATTAATGTAA 660
 TAACAATTAA GATAGCGATA CCAGCTATAA CCATCATGTA ATGTYTAGTT GTAAATGACG 720
 40 TTTTATAGTT AGAAATTTTC AATAAATATG GAACGATACC AATGATTAAT CCACCAAAGA 780
 AAAACATAGT TGAATATGG TGTTGGCTTA ATAAATAATT AAAAAGATTA CTTAGTGATC 840
 CCATTGCCAG TAACATTCCA ATTATAATGG GGATTAAAAA TGTAACCTT GGCCAAAAAC 900
 45 GTCGTGAGAA TATGCCGCTA ATTGAAGCGA TAAATTGATT GTAAATACCT AACAATAATG 960
 CGATAGTCCC ACCGCTAACA CCAGGTACCA AGTCACTCGT TCCCATAGCA AAACCTTTTA 1020
 GAATATTAAT CCATTTAAAT TGTTGCATGA ATAACTCCTT TCAAACGATT GGAATAAAAT 1080
 50 CATAAATAGC ATCATACCAT ATTACAAATG TCCTAGTGAA ATGATAACAT ATTTTAAATT 1140
 CATAAAATCC ATTGAGAAAT TATGTGCACT TATTATCATT TATATTTTAA AAGAGAGCGG 1200

55

EP 0 786 519 A2

AGGTATAAGT AAGTTATAAT TAACTGAACG CATTATTACA AAGTCTTTTT GACTACAAAT 1320
 TAAAATTATT ATAACTAGT TAAGAAAAC TATATTTTA CGGAGGGAAT ATAAAATGGC 1380
 5 ATCAACATTA GAAATyAAAG ACCTACATGT GTCTATTGAG GATAAAGAAA TCTTAAAAGG 1440
 TGTTAACCTG ACAATTAACA CTGATGAAAT ACATGCGA 1478

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 637:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1995 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 637:

20 ATTACAGCAT CTTCTCTAGG TAGATTATTA AAAGATAGAG GTCTAAATGT AACAAATCAA 60
 AAATTCGATC CATACTTAAA TGTGACCCA GGTACAATGA GTCCTTATCA ACATGGTGAA 120
 GTATTCGTAA nGGATGATGG TGCAGAACT GACCTAGACT TAGGACATTA CGAAAGATTT 180
 25 ATTGATATTA ATTTAAACAA GTTTTCAAAT GTGACAGCCG GTAAAGTGTA TTCACACGTA 240
 TTGAAAAAAG AACGTCGTGG TGATTACTTA GCGGAACAG TTCAAGTTAT TCCGCATATT 300
 ACAATGAAA TTAAAGAACG TTTATTACTT GCAGGGGAAA GTACGAATGC AGACGTTGTT 360
 30 ATCACTGAAA TTGGCGGTAC AACAGGTGAT ATTGAGTCAT TACCGTTTAT TGAAGCGATT 420
 CGTCAAATTC GTAGCGATTT AGGTAGAGAA AATGTTATGT ATGTTCACTG TACATTACTG 480
 CCTTATATTA AAGCTGCTGG AGAAATGAAA ACGAAGCCAA CACAACATAG TGTAAAGAA 540
 35 TTACGAGGCT TAGGTATTCA ACCAGACTTA ATCGTTGTAA GAACTGAATA TGAAATGACA 600
 CAAGATTTAA AAGATAAAAT TGCATTATTC TGTGACATTA ATAAAGAAAG TGTATTGAA 660
 40 TGTCGTGATG CAGACTCTTT ATACGAAATT CCATTACAAT TAAGCCAACA AAATATGGAT 720
 GATATCGTTA TTAAACGTTT ACAATTAAAC GCGAAATATG AAACACAGCT TGATGAATGG 780
 AAACAGTTGT TAGATATCGT TAATAATTTA GATGGTAAAA TTACAATTGG TTTAGTAGGT 840
 45 AAATATGTTA GCTTACAAGA TGCATATTTA TCAGTTGTTG AATCATTGAA ACATGCTGGA 900
 TATCCTTTTG CCAAAGATAT TGACATTAGA TGGATTGATT CAAGTGAAGT AACAGATGAA 960
 AATGCAGCCG AATACCTTGC AGATGTCGAC GGTATTTTAG TACCAGGTGG ATTTGGTTTC 1020
 50 CGTGCAAGTG AAGGTAAAAT TAGTGCAATT AAGTATGCTA GAGAAAACAA TGTACCATTC 1080
 TTTGGTATTT GTTTAGGAAT GCAACTTGCA ACAGTTGAAT TTTCAAGAAA CGTATTAGGC 1140

55

EP 0 786 519 A2

TTACCAGAAC AAAAAGATAT CGAAGATTTA GGTGGTACAT TACGCTTAGG CTTATATTCA 1260
 TGTTC AATTA AAGAAGGCAC ATTGGCACAA GATGTTTATG GTAAAGCGGA AATTGAAGAA 1320
 5 AGACATCGTC ATCGTTATGA ATTTAATAAT GACTATAGAG AACAATTAGA AGCAAATGGT 1380
 ATGGTGATTT CTGGTACAAG tCCAGATGGA CGTTTAGTAG AAATGGTAGA GATTCCGACA 1440
 AATGtTTCTT TATTGCTTGT CAATTCACC CAGAATTCTT ATCTAGACCA AATCGTCCGC 1500
 10 ACCCGATTTT TAAATCATTT ATTGAAGCTT CATTAAAATA TCAACAAAAT AAATAAATTT 1560
 GCTAATAAAA CCGGTACTTT CATTGTAAAA CATTGAAAGT ACCGGTTTnT CGTATAATTT 1620
 15 TAATATTATG TTAGTGACAA GGTATGAAAT AACAAAGTG ACTTTTATAA TTCTAAGTCT 1680
 CTTGTCAATTT CAATCATTTG TGTATAAATG TCATAGTATA CATAATTCAA TGCCATCGCA 1740
 TGTGGTyGGA CAATCTTATC GTAATCTTCA GTGTAGACTA TAGGTcTTGG TGTAGATAAA 1800
 20 TCGATAAAAT GTACGAGATG ATCAGGGAAA TCATCTGTTT TAGGTTTGTT GCTTATTAAG 1860
 ACCACATCGA TATCTAAGTC GATAAGTTTT TGAATATCTA ATGCAACTTG ATyATTATAA 1920
 AATGGTGCGA ATAATAATAC ACGATCAGTT GAGTCAATTT CTTTAAwkTC TTTAATAGCG 1980
 25 TaAGTTTnCG GCTAG 1995

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1107 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:

ATTAGTGATG AAAGTCAGAT TGAAGCTTTA TTAACAGCTG AAAAATATTC AGAAATGATT 60
 40 GGTGAATAAT CACCGTGTA CTCCTTAATC TAAGATTGAG GAGTTTATTT TTAGTCTGAG 120
 AAAATAAATG ATATGAAAGA AAAATTATTA GGTACTATTA TTTGGAGTAT TGCTACATTT 180
 45 TATTATTCAA GAATGATGGA AATAATGAAT TTAGCTATTT TAAAAATAAA AATTGGGGGA 240
 AGTTAATATG CTAAACATTC AAGACGTTAn CATnCTTTCT AAAAAGGAGC AAAAAGCATA 300
 TAACCGTTTC GTAGAATCTG TAGAAAACGG TAATTTACCA GTACTACCAT GTATTGAAAT 360
 50 GGATCTAAAA GAGATGCAAG AAGAAACATT AAACCAGAGT AAGATTGGTG GAATGCCATT 420
 TTTAAAATCT TTTAAAGATA TACCATTAGA TGAAAATAAT GTACCAATGG TATTGCTAGC 480
 ACAGATTAAT TTGGATGATC TTCCAGAACA ACAAGAATTA TTTCTGTAA AAGAAGGGAT 540

55

EP 0 786 519 A2

AAACAATATA AACTCAAGGC TTGTTTATAT AAAAGAGCCA ATTACAGATT TATCACTCGA 660
 AAATATTCAA GCGCATTGA AGTCATTAGA TGCTGATAAT GAGGATATCC CGTTCAGTGG 720
 5 AGCATTTTCT ATAGAATTITA GATTGTGCGAA ACAAACCTATT ACATGTACTG ATTATAAGTA 780
 CGATGAGGAC GTGCTTGCAT TGTGGAATAA AGTCAATCCA TCCTTCGCGC TAAATCAAT 840
 GTTTGGTGGT TATGATGAAT TGATGGAACC TGTGTGTAmC AywTTTACTG CTAAGgAACC 900
 10 ATTTAATCAA CTTGGTGGTT ATCCATATTT TGACCAAATA GATCCAAGAA CGAACGATcA 960
 AGAACTGAAA ATGTATGATA GAGTCTTACT GCAAATGat TCTACAAGAG ATGGTAATTC 1020
 15 TTCGATTATa TGGGGTgaTT TAGGTATTGc CAATATCtTA GTGaAATCTA CTGrACCTTG 1080
 aGGcTatGaa GTTTTGAATG ATTACCT 1107

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 904 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:

30 ATTCATATTA TTATAAATTA TTTCTACACC ATCCCAATTG AGTTGTTTTT CATAATTTAA 60
 ATGTAATTCC ACTAACTCCC TACCAATTTc AACAAATCCA TATACATCCT TTAATATCGG 120
 TATTCGCGGA AAACCTTTAC TCAAATCACT TGAATATTTG TTCACATAAT ATTTATGATG 180
 35 CAAAATTGCA TATATATAAT ATACTATCTC TTCTGAATTA AGATTTATTT TCTTTTAA 240
 AGAATTAGgA AATATTATCT ACaRGCCtCA AACTATCTTT ACCTTTGtAT GTAGCAAAGC 300
 CTTkGCCATT ACCAATAAAa TGGAAATTAG GTAATATGTC CGTGATCATA GCCGAGAATT 360
 40 CTTTATTCAT TCCCTGTCCT TGTATATAAA TCACCTGTCC AGTATTCTCC ATTATATTAT 420
 AATATCTACT TGGCATTTCc ATAATATTTT TGTCGTACAC TATCCATTTT TTTGTAAATG 480
 GTCTATGCAT AAATTTAACA ATTCTCTCTG GATTAATTGA AATATTTTTT CCTTTAGAAA 540
 45 ATTTTGGGT AAGTCCTCGT GTCCAACtaA TaAATGTTTc ATCTTTGTTc ACTAAATTTA 600
 TACGTTCTCT TGAATCTAAG ATATCAATTA ATCTATCTAT TTCAGAATTA TAGTTATCTA 660
 50 CAAGTAATTT TGcATTTACT AATGCTTTTT CATTGAAAA ATTTGTTACC CAATTATCTC 720
 TTGCTGaATT TACTCCATTA AATkGakCTA AATATATAGA ATTTTCAATA TCCTTGAAT 780
 CATAATTGG TAAATAATTC CCCATAGTTT ATGTCTCGGT GATTAATCCA ATCATTGGGG 840

55

EP 0 786 519 A2

AAAG

904

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 436 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:

CGATGTCCTT	ACTATTAGAC	TTAGCCATTG	GTTTCACCTC	TCCAAAAATT	GTAAATGTGT	60
ATCATCAATA	TGAAAGTTAC	ATAAACTGA	CATATTTCTT	TAAAATATCA	ACGCCATTGA	120
TAACTTCCTG	TTTAAATTGA	TACGCTGTAA	CAAAATACTA	TAGTTAGTGC	TTACATGTAT	180
ATGTTAAAGC	AAGCAGTGGT	AAATGTAAAT	TATAATTATT	CATTAACTTT	GCAATATATT	240
AAATCTTTTA	TTCATAGAAG	ATAAATATCA	AATCAATCAT	AATTATTTGA	CAACAAATAG	300
CTAACGATTG	TTTAAATCTA	CATTTGGCTT	ATAGCATTTT	AAACCTATAC	TCTATTTTGA	360
TACAATATAA	GTGTAATC	AATCATAAAA	AGGATATTCA	ATATCTGCAT	CCAAGAAAAA	420
CATTACAATT	ACCTTT					436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 442 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:

GTTATTAAAT	TCAGAGTGGT	AGCAAATTAA	AGTTAnTCAA	GAGTTAAGAT	GAATTTAATT	60
CATGAACACG	TCTATTATTT	TTATAATTGT	AGCAAATAAA	GCTTTACATC	AAGGAGGTAA	120
TTAAATATGT	TCAAAAAATA	TGACTCAAAA	AATTCAATCG	TATTAAAAATC	TATTCTATCG	180
CTAGGTATCA	TCTATGGGGG	AACATTTGGA	ATATATCCAA	AAGCAGACGC	GTCAACACAA	240
AATTCCTCAA	GTGTACAAGA	TAAACAATTA	CAAAAAGTTG	AAGAAGTACC	AAATAATTCA	300
GAAAAAGCTT	TGGTTAAAAA	ACTTTACGAT	AGATACAGCA	AGGATACAAT	AAATGGAAAA	360
TCTAATAAAT	CTAGGAATTG	GGTTTATTCA	GAGAGACCTT	TAAATGAAAA	CCAAGTTCGT	420
ATACATTTAG	AAGGAACATA	CA				442

EP 0 786 519 A2

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:

CCAATTTTGG TATGAATTAT ACAGATAATT CnGCGCCCGG AGGATCATT T GCTTATTTAA 60
 ATCAATTCGG TGTGGATAAA TGGATGAATG AAGGGTATAT GGCATAAGGA GAACATTTTA 120
 ACTACTGCCA ATAACGGAAG ATATATTTAT CAAGCTGGAA CTTCATTAGC CACACCTAAA 180
 GTTTCGGGAG CACTAGCTTT AATCATTGAT AAATATCATC TTGAAAAACA TCCAGATAAA 240
 GCGATTGAAT TGTTATATCA GCATGGGACA TCTAAGAATA ATAAACCATT TAGTAGATAT 300
 GGGCATGGTG AGCTTGATGT GTATAAGCA TTAAATGTAG CAAATCAAAA AGCAAGTTAA 360
 TAAATCAAAG GAGTTTTTGA TTATGGCAA ATTAGTTACT GAAAACATTT CGAAGCGGTT 420
 TAAAAATCAA GATGTATTAA AGCATATTAA TATCACTTTA GAAAATAACG AAGTTTATGG 480
 ATTACTTGGT ATTAATGGAG CCGGTAAAAC GACACTTATG AAAATTATAT GTGGCATACT 540
 TCAACAAGAT TCAGGGGAAA TTAAATTAGA TAATAGACCA ATGACACGAA ATGATTTGCA 600
 CAAAGTTGGT TCGCTTATTG AAACACCTGC GACATATAAT CATTTAAGTG CACAAGATAA 660
 TTTGAAAATT GTGTGTTTAA ATGAAAGCGT TGATTTCaGC GAAATTAATA GTGTTTTAAG 720
 CTTAGTCAAT TTAAATGTCG ATAAAAAGAA AAAGGTTAAG GACTTTTCTT TAGGTATGAA 780
 ACAAGACTT GGAATTGCAA TGGCaTTAAT TAAAAaGCCA GAAATTTTAG TATTAGACGA 840
 ACCATCTAAT GGTTTAGACC CATATGGAAT CCAAGAACTT AGAGAACTTC TAAAATTATT 900
 AACAGAACAA GGTACTAGTA TTATTATTTT AAGTCACATT TTATCTGAAA TCCAAGTTTT 960
 AGCAGATCAT ATCGGTATTA TTCATGAGGG TGAGCTAAAA TATCAGCAA GAAATAACAA 1020
 AGATGAAAAC TTAGAAGAGA TATTCTTCAA AATAACGAAA GGTGATTACA AATGATACAT 1080
 TTAAAGATaG AAGGTATCAA ATTTAAAAAT TCTTTcAGTA TGTATGTTTT ATTAATAAGT 1140
 CcGcTGGTAT TTCTTTGTTT TGCTATTTTC ACAGTCTTAT TCGCCAAAAG TAATACGGGA 1200
 ACAGCGAATA GTGTGTCACC ATATATAACT TTACTATTTA ATATTTGGCC AATTGCTTTC 1260
 ATCCCGATTG TATTATGTAT GGCTTGTAAT TCGTTATTTA AAATTGAAAT GAGAAATAAA 1320
 TCATTTAATT ATTACTTAAG TAATAATTGG TCGATTACAA AAGAAATAAG AGCAAAGATT 1380
 TTCATTTTAT CAATAGCATT TTTGGTACAT TGCTTTTtAG TATTTATTAT TGCTTATATA 1440

EP 0 786 519 A2

TTGATGTATG TAGTATCTCT ACCATTGATA CCGCTCAACT TTTTATTAAC TCGATACTTT 1560
 GGTGTGTTTCG TATCAATATT AATAAACTTA GTATTATCAG TCATTTGTGT CTTGTTTTTA 1620
 5 ACATTGAAGA GTTTATTTTG GGTGTGCGG TGGGGGATAA TGCAGAGAAT CCCGCTTATT 1680
 ACGCTTGGTA TACTACCTAA TGGtTTAGTT GTAAACCATA ATTCAAAATA CTTTAATGAT 1740
 10 CTCAATGCCT TATATATITC GATTATTGTT AGCATCATT TTTTCGCGAT AGTAACATTT 1800
 TTAAATAATA AGAAAAGTTG GCGATTAAAA TGATAATTAA CGAATTAAAG TCATGTAAGT 1860
 TGAAATTTTC TAAGCAAGCG CTCACATTTG TACCCATTAT TGTAACCATA TTGTTTATAT 1920
 15 TATTTATAAA TTGGTATTTA AACGTAAATT TATGGAATGG TCGACAAATm AGTTTGTTTA 1980
 CAGCGAGTTT TAATGCAATT ACATCGCTAT TAATTTCTAT AAACGTCTAT CAAGTTATCA 2040
 ATTTTGAAGA AAATATTGGT CACTTTAATC ATATTTTAGG AAAAGCTAAT AGGCTAAATT 2100
 20 GGTAAATGC ATCAATGATT TTTACTTATA CTATTACAGC CATATGTATT CTATTAGCAT 2160
 CAATTAATTT ATTGTGGCAT TCACATGATA TGAAAATAAC ACTTATGTTT ATAGGcGTaT 2220
 CATTTGTTTT CAATGTaATT ATATTACTGC TACTTTTTAT TTTTAGTATT TTCATTAAAG 2280
 25 ATGTAATGGC TATTGTGTGTC GGAGTTTTAA TGTTTTATTT TAACGTTTAT TTTGGATTAG 2340
 AAGTGCTTGG AGATCATTGG TGGTTCTATT TACCAATCAC ATATGCTACA CGTTACGTTT 2400
 ATATGTTTAn CGAAGGGGAG TATACCAGTT ACATTAACAT TGGGCAATCT ATATnATTAT 2460
 30 CACGnTGCCG AT 2472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 643:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 646 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 643:

45 ATAATATAGG AATTATTTTCG ATnACAGATT TTACGAATCG TGCTACGATG CAAAATGAAn 60
 ATAAAGATCC ATATGGCGAA AAGTTAGCTT ATGGAATTGC TTTTAATGGC AGTGTGGATA 120
 TGCAAGGGGA TAAACAAGTC ACAATTCCAA AATATAGTGT AGTTACAATT ACTGGCGAAA 180
 50 ATAGTAAAAA TTATCGTGTT ACCGCCGATA ATAAGACTTA CTATGTTAGT AAAGATAAAT 240
 TAGAATATTT TAACCCGGCA GGTTTATATC AAACGCATAG TTTTAAAAAA TTAGCACCAT 300
 ATATGAAATC AAATTATAGT AATTACTATG CATACTTTAA TAGTCAATTA CATAAAAAGC 360

55

EP 0 786 519 A2

CACAACAACC GATACAATTA CTTTTCAATG ATAATAATCA GTTATACGGT TTTGTTTATC 480
CAATTGTAGA TAAAAAGAA TTAAAAGATA AGTTTAATAT TAACAATAAC ATTTGGATTA 540
5 CTAAAGTTGG GAATGGATAT TGTATTGCCA ATTTGAAAGA AGACAAATGG ATTTATATTG 600
AATTGTAGGT GTAAAGATGC TAGATAATAT TATTTTATAT TTAA 646

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 644:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 644:
20 TAATATCGGA ATTTGATAAT GAAGATATCT AATTTTTTAA TATTCGTAGC TTTTATTTTT 60
CTACTTATTT TATGTTTATT TTTAATCTTA CAAATGACAA ACCATTAAAA GTAGCATCCC 120
AACATCAAAC AAAAAACAA TTCATCAAAT AAAAATCGCT ACAAACCAA GTCATTAAAC 180
25 ACGCAATAAT TAAAATTTTC CACTCATTAT AATTCTGAAT TCCAAATGTC GAATTCCGAA 240
AACCAAATC CAAATCCAA AAACGCAACT CCAAATTA AAGCATTTCC CTACCATTCC 300
GGAAATGCTT TTTACATACT GgATTACTCT GTCATTAATG ATTTTACAAC GgGAAACCAT 360
30 GTCGtCATGT ATGACCaaAG TAGCGTCGCT AtCaTaAgGt GGTTCGGATC TTTATTGGAT 420
AATnAT 426

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 645:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3241 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 645:
45 nTTATTTACC CACAACATGT TGCGACATTA GGTAAATGGG TACCTTATTT ACTTGGTATT 60
GTTATGTTAG GTATGGGATT AACAAATACA CCTAATGATT TCAAAATGGT CTTTAAAGCA 120
CCTAGAGCAG TAATTATTGG TGTCTGTCTA CAATTCAGTA TTATGCCAC ATTAGCATTT 180
50 ATAATTGCAA AGTCTTTTCA TTTACCACCT GATATTGCTG TTGGCGTAAT ATTAGTTGGA 240
TGTTGTCCGG GTGGGACATC AAGTAATGTA ATGAGTTATT TAGCCAAAGC TAACGTAGCA 300

55

1571

	ATATATCTAT	TTGCAAATGA	ATGGTTGGAA	GTATCTTTCG	TGAGTATGTT	GTGGTCAGTT	420
	GTTCAAGTTG	TATTAATTC	AATTGCTTTA	GGTATTGTTT	TGCAAATTAT	TAATCGTAAA	480
5	ATTGCTGAAA	AAGCTTCTAC	AGCTTTGCCA	ATTATATCAG	TTGTTGCTAT	TTCATTAATT	540
	TTAGCAATAG	TTGTAGGTGG	CAGTAAGCAC	CAAATCTTAA	CTACAGGATT	ATTAATATTT	600
	TTAGTAGTTA	TTTTACATAA	CGTATTAGGG	TATACGATTG	GATATTGGTT	AGCTCGTCTT	660
10	TTAAAATTAG	ATCGACAAGA	TCAAAAAGCA	GTCAGTATTG	AAGTTGGAAT	GCAGAACTCT	720
	GGTTTAGCTG	TGTCATTAGC	aGCATTGCAT	TTTAATCCAA	TTGCAGCAGT	ACCAGGCGCA	780
	GTGTTTAGTT	TCATTCATAA	TATAACAGGG	CCTATTTTAT	CAAAGTATTG	GTCAAAAAAG	840
15	TTATAATTGC	ACTAATAGAA	TGAAGTGGTC	ATCGGACTAT	GTTAAGCTTT	GATAAAGAGA	900
	AAAAATAGAG	GAGTAAATAT	ATGTATAGAG	CAGTTATATT	TGATTTTCGAT	GGAACAATAA	960
20	TAGATACGGA	ACAACATTTA	TTTAATGTTA	TTAATAAACA	TTTAGAGATG	CATAATGCCG	1020
	ATCCTATAAG	CATTGATTTT	TATCGTTCCT	CTATTGGAGG	AGCAGCTACA	GATTTGCATG	1080
	ACCATTTAAT	TAAAGCGATT	GGTTCGGAAA	ATAAAGATAA	ACTTTATGAA	GAACATCATC	1140
25	TTACTAGTAC	AACATTACCG	ATGATTGATA	CGATTAnATC	ATTGATGGCA	TTTTTAAAGC	1200
	AACGTCACAT	TCCTATGGCA	ATTGCCACAA	GTAGTGTGAA	AGCGGAAATA	ATGCCCACCT	1260
	TTAAAGCATT	AGGTCTAGAC	GATTATATAG	AGGTAGTTGT	TGGTAGAGAm	GATGTTGAAC	1320
30	AAGTTAAACC	TGACCCTGAA	TTATATTTAT	CTGCAGTACA	ACAATTAAAT	TATATGCCGA	1380
	CACAATGTTT	GGCTATTGAA	GATTCTGTAA	ATGGTGCAAC	AGCCGCGATT	GCAGCTGGAT	1440
35	TAGATGTTAT	TGTTAATACG	AATAAAATGA	CAAGCCGACA	GGACTTTTCT	AATGTAGATT	1500
	ATGTAGCAAA	AGATATTGAT	TACGATCAAA	TTGTAGCGCG	TTTCTTTACG	AAATAGGAGG	1560
	CGTATCATGA	TGGGTTACAT	TATATTGTTT	TTTCTAGCTG	GTCCAGTAAT	TTTAGGCGTT	1620
40	GGAAATTTGG	TGATTGGTCC	TATATTTAAC	AAACAGACAC	CATTTTCGCGT	GCAAGTAAGA	1680
	TCTTTTGTTG	KTGGkTcmAT	GrTTTACTTA	ATACTCGCAA	CAATTGGCTA	TTTTTTACTA	1740
	TTACAAGGTA	AACTTTAAAG	AGAAAACCAC	CTTACCTCAT	TAAATGGACG	ACCATATGTA	1800
45	TGTGAAATGG	TAGAACGTTC	ATGTTTATGT	ATGAGATAGG	GTGGTTTAAA	TAGTTACATA	1860
	TATTTTAATA	ATAACGTCAC	GATGATAAGT	ACAATTAAGA	TAATATCTAT	GCCTACCATA	1920
	ATTGTAGCTC	TTGTTGCAIT	ACTTCCTTGT	TCTTTTGCTG	ATTTTCATAGC	ACGGTAGTTT	1980
50	GGCACAAGC	TAATAATTAG	TAAGATTAAT	ACAATTACAC	CAATTAATGC	TGTTGTTCATG	2040
	ATGAACGACC	TCCTTTATTT	TTTTCAATCA	ATTCCCAAAT	AAACGTAGCA	ATCACACCGA	2100
55							

EP 0 786 519 A2

	CAATAAATTAA	TGCAATCGGT	AAAGTCGTAC	CGAGTTTAAAT	CTTGCGCTCT	GGAGAATTAA	2220
	TAATAGTAAA	TACTGTAAGA	CAAATGAGTA	TGAAAGCAAG	TGTTGCAATA	ATAGTTCTTC	2280
5	CAACTAAATA	TAGGATGTCA	GGTTTTTCCA	TACCGATATA	ATTTATGATG	AAAAATGCTA	2340
	CAGCAAAGAG	TACCGATATT	TTGTAGCAC	GTAGCAGTAT	TTGTTTTAAC	ATTGATATAC	2400
	TCCTTTTTAA	TATTATTTAA	ATTATATCAT	AATTACCAAG	AATAGCTGAA	GTTGTATGTG	2460
10	ACTCAACGGT	ACTTGAGCAA	CTTTTTTAAT	TTTTTAGAAA	AATCACAAAA	TAATTGTTTG	2520
	CAAAGTTGCA	AAAGCCTGCT	ATAGTAGTTC	TGTAAACGAT	TGCATGGTAT	GCAAAATATTA	2580
	ATGTACCAAA	ATCGATAATT	TATAGTATAA	TTACGGCAAT	AAGTTTTTTT	ATGGATTTAT	2640
15	TTAGTATCAA	TCAGAGATGG	GGTAAGAAGT	TATGGAGAAC	AATGAACTAC	AAAGGGGATT	2700
	GAGTGCCCGT	CAAATTCAAA	TGATTGCACT	TGGTGGTACG	ATTGGCGTGG	GGCTTTTCAT	2760
	GGGTGCGACA	AGTACAATTA	AATGGACAGG	CCCATCAGTT	ATCCTTGCAT	ATTTAATTGC	2820
20	GGGTATCTTT	TTATTTTTTAA	TCATGAGAGC	AATGGGGGAA	ATGATTTTAT	TAAACCCTAC	2880
	AACAGGATCA	TTTGCAACAT	TTGCAAGTGA	TTATATACAT	CCTGCAGCAG	GTTATATGAC	2940
25	AGCATGGAGT	AATATATTCC	AATGGATTGT	AGTTGGTATG	AGTGAGGTCA	TCGCAGTAGG	3000
	AGAATATATG	AAGTTTTGGT	TCCCGGAATT	GCCAACTTGG	ATTCCTGGTG	TTATTGCTAT	3060
	TTTATTATTA	ATGGCAGCGA	ATTTATTCTC	GGTAAAAGCG	TTTGAGAAAT	TTGAATTTTG	3120
30	GTTTGCTTTA	ATTAAAGTTG	TAACAATTAT	TTTAATGATT	ATTGCTGGTT	TTGGTCTTAT	3180
	nnTCTnTGGT	TTTGGAAATG	GTGGCCATGC	GGTAGGTATT	TCTAATCTAT	GGACAAATGG	3240
	C						3241

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 646:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 646:

	AGGCGTCAAC	TCAGATGGTT	TAATAATTGC	CGTATTACCT	GCTGCAATAG	CACCGATTAA	60
	AGGTtCGAaC	ACTAGTtGAA	AAGGATAGTT	AAATGGTGCA	ATGATCAAAA	CTGTTCCATA	120
50	AGGTTCTTTT	TTGATATAGC	TTTTTGTGG	AAATAAATAT	AAAGGTGTGT	CTACATtKtT	180
	TGTTTTAGTC	CAGTTTTTAA	GTTCCtTAGC	GGCAATTTTG	ATACTTytCA	AAGTTATGCC	240

EP 0 786 519 A2

	AATATCGCTC	TCGTATGATT	TAATAGCTTT	GCTTAACCTC	TTTAATTGCT	CTTTTCTAAA	360
	ACTAATATCT	TTAGTTTGTT	GTGTATTGAA	AAAAGCTTTA	CTGTCATAAA	ATTTTTTGCTC	420
5	AATGATATTC	ATAATGAAAA	GAACCTCCTT	ATATGATTAT	TTTGGAAAAA	GCGATTAATT	480
	GATTTGAATG	TTGTGGCCGT	TAATTTTAAA	TGGTCTTTCG	AATTATATAT	GTTGAAAGTT	540
	GAAAATAGAG	CGATGAATCG	TGTACATAAT	AATATTTATA	ACTTTAATCA	TAACGAAAAA	600
10	GGTAGGAAGA	AAACAAAAAT	TTATACTCAA	CATCGCAAAT	ATTTTAAGAA	AATGTAAAGA	660
	CAAAAGGGGA	ATTGTATAGA	AATCACTAAT	CTGTGGGTTA	GGGTAGCTAA	AGGAATAAAA	720
	ACTACTATTG	AAAAAGGGTT	GTAAATTAGT	CAAACGTAAA	TAAAAACAG	TTCATTGAAA	780
15	GTGAAATAAA	TTCTACTTTA	ATGAACTGTT	AGTTAAATAC	AACATGTCTA	TAATTAGACA	840
	GTAATATAGT	ATTATTTTGT	TAATGCTTCA	GTGATTTGAG	GTACGATTTG	TTTTTTTCGA	900
20	GAAACGACAC	CAGATAAGAA	GGCCATGTCA	TCTTCTAATT	GAACATTGAA	TGtTCGCCAA	960
	CTTTATCTTT	TTCAGCACCT	ACAACATAAA	TTTTAGAATC	ACTATTAATG	ATGTCAGTAA	1020
	CAACAAGTAC	AAATAAGTCA	TATTTTTTCT	GTGCACTTAC	AGCTAACATT	TCTTTTTCTA	1080
25	TATCTTCTTT	ACGATTTAAC	ACTTCGTCAA	GGTCAACAGC	ATTAACTTGT	GCAATACGAG	1140
	TCACATAGTC	ACCCATAGTA	AATGATTTAG	CATCCATGTT	TAATAAGAAT	TCAACTGATT	1200
	TATCAGTTGT	TGAAGCACCT	GCTTTtAACA	TATCTAAGCC	GTACTTTTGA	ATATCAACTT	1260
30	TAGCAATATC	TTTnAATTCT	tCAGCTGCTT	TAACATCTTG	TTGTGTACAT	G	1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 647:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1498 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 647:

	CATATACTTT	TTCATTTCTT	TACGAGATAC	TTTACCAGAG	GATTTAGACT	TCATACGCTG	60
45	ATCCATATGT	GCTTGC GTTT	CAGaATGTCC	ACAAACACAA	CGATATACCG	CTTCTTTCCC	120
	TTTACCAAAC	AACGTTAATT	TCTTTTTACA	GTTTGGACAT	CTTGCA TTG	TTT TGC GCTG	180
	TACAT TCTTT	TTCGTCTTAC	AAGATGGATC	TTGGCACACA	AGCATCTGAC	CATTTTTAGT	240
50	TTTAACTTTA	ATCATGAATT	TACCACACGT	TGGGCATTCT	GTGGTTGTTA	AATTATCGTG	300
	TTTATATTTA	CGATCACTAT	TTTTAATCCC	ATTTACAACA	TCTTTCGTAA	AATCTTT CAT	360

EP 0 786 519 A2

CCATTGTGcA GTTAAAAGTG GCGACGTAA TTCTTCTGGT GCTAATTCTA ATATTGTTT 480
 ACCTTTTGAC GTTACTTTAA TTTTACCGTC TCTTGATTCA ATGGCATTCA TATTAAATAA 540
 5 TTTATCGATA ATGTCGGCCC TTGTTGCAAC TGTGCCGATA CCACCTGTTT GTTTTAAAGT 600
 TTGCGCATAT TTTTATCCT TCAATTGAAT AAAGTTCTGA GGGTTCTCCA TCGCTTTTAA 660
 TAACGAACCT TCATTAAAT ATTCTGGAGG TGTGTTTCA TGTCTCTAA TATTTGTTTT 720
 10 TGAATCTTC ACTTCATCGC CTTCTGAAAA AGGCTGTTGC ATCTCTGTAA TAGATTCAAC 780
 TTGTCTAATA GATTTAAAC CTAAACAGT TGTACATTCTCTTTCAAAA CAAATGTGTG 840
 15 CCCTGCAACC TCTAAAGTTA CAGTTATCGC GTCATACTCG TCGGAGGCA TTAAAGCTTC 900
 TAAAAACGC TCGACAATCA TATCGTATAA CTTTAATTCT CTATTACTTA AGTCTGACAT 960
 GACAGGTCTC ACTTCTGTAG GAATAATTGC ATGGTGATCA GATACTTTT GATTATTAA 1020
 20 TATCGACATT TTTGATGAAA ATGTTTTAGA CATTAAATGGG CGTGCTTGGT CTTTATATGT 1080
 TGTGCCCATC GTCACCTGAA TACGTTCTTT CATAGTATCT ACCATATCAG TTGTTAAATA 1140
 GTTTGAATCT GTTCTTGGAT AGGTTACGAC TTTATGTCTC TCATATAAGC TTTGAAGTGT 1200
 25 ATTCAATGTT TCTTTAGGTC CAATTTTATA ACGTCTATAC ATATCTTGTT GTAAATCTGT 1260
 TAAATTGTAC AGTGATTGCG GATACGACTT CTTATGTTTA GTAGCAACAG ATTTAATCTT 1320
 ACCATCGACA TTTTCAAAT TATTAACCAT CTGTTCTAAA GTTTCTTTAw TGGtATATCG 1380
 30 CTGATTTGaw TCTAGCTGAA AATCAAACCC TTTTACCGTT AATGATAATG TAAAGTATTG 1440
 TTGTGGnTTG AACTGATTAA TCTCTTGTG GTCGTGTAAT TTAATAAATT GAAACGGn 1498

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 648:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1044 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - 40 (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 648:

45 TAAACAATT CGTTTTATTA ATACAGTTTG TAAAAGTATT CTCTTAGTAC TAATAGCTAA 60
 TGTAATGATA GAAAATACTA GTGTTATTAA AGATTTGAAT AAAATAAAAG AACTGAGAA 120
 50 ATATTGGAAT GTATTAGATG ATTATTACAC GATTGAATTT GCACCTTATC ACGAAACAAA 180
 ACAAAGTTTG ATTGATAATA TGGTGCGATC AGAACAATTA GTAAAGGCTA GTGAAGCAGA 240
 AAATAATGCG ATTTTATTCA AACCAAAGGG TGAATCCGTT GACAATGACA ACTTTTCGCC 300

55

EP 0 786 519 A2

TCAACCTGAT ATTCCGATAA AAAATCAAAA AAATAATGTC GAAGTAATTA TTCCACAAAA 420
GTTTCATGCA ATGCGTAATG AAATCAATCA AGCATATCAT TCATGGTTTG AATTTGTACA 480
5 AAATAAAAAT AATAAAGAGA ATAAGTTATC TATACAGTTT ATCAACAAAA ATGATTGTCTG 540
AATTTTTTCA TTTGATGCAC GAGATAGTCG CCATTTGTCA TTTATAGAGG CGCCAATCAT 600
TGTGAATGTT CAGGCATCAG ATTTATCGaA TGATTTtAT TATGCCATGa TCaGTCaAGG 660
10 CGGGTATTTa TTCaAAAATT ATGaCGCGCT AGTAAAAAAT ATTGGAAGG TATCCATCTT 720
GATGGGGAAT TCCAGTGGA TAACCAATTA TAAAGATAGC GTGATGGAAA TGTATCATGA 780
AAACAATTG AAATTAACAG TACTCAACTT TTCACAAATC ATTATCGCAA TCATTTAAT 840
15 AATTATTATT TTATTGATG TGAAATATTA TTTTGAACAG CATCGAAAAT TACTCGTAAT 900
CAAAAAGCTA TATGTTTATT CAACATTAAG AGCCAATTAC CAATACTTAT TAATAAATAA 960
20 TATAGTTGTT ATTTTATTG GAATATTGAC GAATGTAATT TTACATTCTC ACTATATAAT 1020
GATGTTATTT GCAACGATTC TTGT 1044

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 649:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 399 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 649:

35 GAACATATTG GGTTATGCAA GGnGGTCACT CTTCACTT ATAAACAACA TTTTAATAAT 60
GTAAAGTTTA ACCAGCTAAC ACTTTTGTTA GCTGGTTTTT ATTTTCCTTC AATTTTAAA 120
TGGTTAAGTC CCCTTCTATA TCTTATAAGA CAATCATTAT AATCAATTCA ATTAATACAT 180
40 TAACAACCAC AACTAATAAA TATAGTAACT TCAAATCCA TATTTATGTC TAAAGATAAT 240
CTCAATGTTG TTCACGTCAA TAAAATTATC CCTAGGTTTT TAAAAATTGT ACATGTTTAA 300
ACAATCAAAA GTGTACATTA TTAAATTATC ATTTCCAGTT AGATTTAGAA AACATTCACA 360
45 CCACGCATGG ACCAACGTAT TCGTCTTcAT TcATTTTAG 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 650:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 747 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
55 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 650:

	GTACTAGGTT	CTAnGATTCC	CTACTGTAGT	CATAGATATT	TTCCAAACAG	AGCCTGACAA	60
5	CTTTTCATTT	TTAATAGTGA	TCACTATATT	AATCGCTATT	GCAATTTATG	CATGTCGATT	120
	TGTTTGGGTT	TATTTCTGGT	ACAAAGATTT	TTATTTCCCG	AAAAATATAC	AATCTTATCT	180
	AGACGAGGAA	CATGATTCAC	ATGAAACACC	ACCTTCTCGA	GTGCGTTACG	CATTTATTAT	240
10	GACCATGTGT	GGTATTCACG	GTACAATTTC	ACTTTCAATG	GCACTTACAT	TACCATTTAT	300
	CATTACAAAA	GGACAAGCAT	TCGAATACCG	TAATGATTTA	TTGTTTATTG	CATCTTTCAT	360
	GGTATTAATT	AGTTTAAATCT	TAGCGCAAAT	TGTTTTACCT	TTAATTACAC	CATCTGCCGA	420
15	AGATACTACT	TTTAAAGGTA	TGACTTATCA	ATCTGCCAAA	ATTTTCATTG	TTCAAAAAGT	480
	GATCCAGCAT	TTTAAAAACG	AAAGTAAAAA	AGACAAAAAC	GATACAAATT	ATCGCCCAGT	540
20	ATTAAACCAA	TACTATGGAG	AATTGTTATT	TTTATTAAAT	TCAGAACCTG	ATAATCAAAA	600
	TACrAAAGAA	CTCAAACGTT	TAGAAGATAT	TGCaAAAGTA	ATCGAAACAT	CTACACTTGA	660
	GCGTTTAATT	GATAAAGGTA	AGGCAACATA	TCAGGATATT	AATAATTACC	GCAATATTGT	720
25	CGAATTAACA	GAGACACACC	GTA	CTACTGC			747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 651:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1373 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 651:

	ATACAATACT	CTTTTATTAT	TCAATAAGCC	ACTTCCTATA	GCAAATGTTT	AACTTTAAAT	60
40	ATTTTTCGAT	GCTAACAAAA	AATCACACTA	TCATCTTTTA	AAATGAAAGT	GTGATTACAA	120
	GCAAATCTGT	AAAATTTATA	AAGCAGAAAC	AATTCAACTT	TATCATTATG	ACATTTCAAT	180
	TAAACCTTCT	ACATTATAGT	TCCAAGCATC	TTACACATGA	ATGCAAGTAT	TTAACGATTT	240
45	AATTGTGACA	TAGCCTGTTG	ATATTGTGTT	TCATTGATAT	AATTTTGTTG	CTTCATTTTT	300
	TCTAAGTTCG	TGCTTACACG	TTGCGTAAAA	TTCTCTGACA	TATTATTGAT	ATTATATACG	360
	CTAGGTGCAT	TGACTTTACT	AGCTAAAATA	GCGCTTTGTA	AAACTGTTAT	GTGAGACATT	420
50	GTTGTACTAT	TTTTATTAC	GGTTGTTCCA	AAGTAATGGT	TTGCTGCGCC	CTCAAGCGTA	480
	TATTGATTAT	CCCCAAAGTA	AATATTATTT	AAATAAAAGC	TTAAAATTTT	GTTCTTATTA	540

EP 0 786 519 A2

	TCATTATCAT	AAAAATAATT	TTTGACAAC	TGTTGTGTAA	TGGTACTACC	ACCTTGACACA	660
	TCTCTGTGCG	TAATCGTTGA	AAATAAAGCT	CTAGTTGTAC	CTTTCAAATC	GAATCCATGA	720
5	TGATTGTAGA	ATCGTTCATC	TTCCATTGAA	ATAAAGGCAC	CTTTAACATA	CTCTGGCATG	780
	TTATCAGCTG	ACACAAAAC	ACTTTTATTT	TCAATTTTTC	TTAGTTCATC	CACATTATCG	840
	CGTGTAGATA	AAAAATACAT	GATACCAATA	AACAATGCGA	TAATGATTAG	AATGGTTAAT	900
10	AATATTTTTA	ATAGTATTCG	TTTACTTTTT	TTCTTTTTCG	GCGGTTTGCC	AACTGGTTGA	960
	TAATACGTAT	TATAGTGAGG	TTCGTGTTTC	ATATGCTCAA	AATGTTTCATT	TGAGTTTGAG	1020
15	TACCTATCGC	TTCTTTTCAT	GCGTTTGCTC	CTTCTTTTAA	AACTCACTTA	GtATATACCT	1080
	TGaGTTTACC	AGTACTATCA	CAAATAGGCT	ACACTTTTTC	GGAAAAATCAG	TCCAAGGGCT	1140
	TACAAATCGTA	TACGCCATCA	TACTTACTTT	TTTGTTTTC	GAAAAAATTA	TAGATAAATC	1200
20	ATTGCAATTT	TAAATATTAA	TCATGTCAAA	TATTGTTATA	TTTTATAAAA	ATAAAAGACC	1260
	ATCCCTATTA	AATGCCAATA	GAGACGACCT	TTTATTTGTT	ATTCATTTAT	TAAAACATAA	1320
	ATCCATATTT	CATTTCAAAC	GAAAAATAT	AAATTTTAAC	AATCGrTAAC	CAC	1373

(2) INFORMATION FOR SEO ID NO: 652:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 859 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 652:

	GGCAGATAAT	TTAGTCATTG	TTGAATCGCC	TGCAAAAGCA	AnAACCATTTG	AAAAGTATTT	60
	AGGTAAGAAA	TATAAAGTTA	TAGCTTCAAT	GGGACACGTC	AGAGACTTAC	CAAGAAGTCA	120
40	AATGGGTGTC	GACACTGAAG	ATAATTACGA	ACCAAAATAT	ATAACAATAC	GCGGAAAAGG	180
	TCCTGTTGTA	AAAGAATTGA	AAAAACATGC	AAAAAAAGCG	AAAAACGTCT	TTCTCGCAAG	240
	TGACCCCGAC	CGTGAAGGTG	AAGCAATTGC	TTGGCATTTA	TCAAAAATTT	TAGAGCTTGA	300
45	AGATTCTAAA	GAAATCGCG	TTGTTTCAA	CGAAATAACT	AAAGACGCTG	TAAAGAAAG	360
	TTTTAAAAAT	CCTAGAGAAA	TTGAAATGAA	CTTAGTCGAT	GCACAACAAG	CGCGTCGAAT	420
	ATTAGATAGA	TTAGTTGGCT	ATAACATCTC	GCCAGTTCTT	TGGAAAAAAG	TAAAAAAAGG	480
50	GTTGTCAGCG	GGTCGAGTTC	AATCTGTTaG	CmTTCGTTTA	GTCATTGACC	GTGAAAATGA	540
	nATTGGAAC	TTTAAACCAG	AnGAATATTG	GACTATTGAA	GGAGAATTTA	GATACAAAAA	600

EP 0 786 519 A2

	aAAAGATGTT	GAGAAAATTA	CAGCTGCATT	AGATGGAGAT	CAATTGAAA	TTACAAACGT	720
	GA	CTAAAAAA	GAAAAAACGC	GTAATCCAGC	AAACCCATTT	ACAACTTCTA	780
5	AGAGGCGGcA	CGTAAATTAA	AcTTTmAAGC	AAGAAAAACA	ATGATGGTCG	CACAACAATT	840
	ATATGAAGGT	ATAGATTTG					859

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 653:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 747 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 653;

20	TTCAACTTCG	TTTGGAATC	ATGTTCCCTCA	ATTGTTGGAC	TAAACGAAT	TTCTTTAACA	60
	TTGATAATTT	TTTGTTCCTT	TTTCATTTCT	TTTTCTTTTT	TCTGTTGTTC	GAATTTGAAT	120
	TTACCGTAAT	CCATAATTCT	TGCAACTGGT	GGTTTCGCAT	TCGGTGCAAC	GACCACTAAG	180
25	TCTAAATCTA	CACG TTCAGC	CATTTCTAAA	GCTTCACGCT	TTGATTTAAC	ACCAATTTGT	240
	TCACCATCTT	GACCGATTAA	ACGTAATTCT	TTTGACGAA	TTTGTCAAT	GATTTGAGTT	300
	TGATCTTTTG	CTATGGTTGA	CACCTCCAAA	ATTTTACGA	AATTTGCACC	AAGCAAAAAG	360
30	GAAGAGCAGG	TATAAAATAC	CCGCTCTTCC	TTATACACAG	TTATGTGTAA	TGTGATTAAC	420
	CTGCCAACTG	CTTTATGCGT	CGCTACAGGT	GAGAAGCGGG	TGCTTCTACT	TGGTTCGTTT	480
	CGTATTCAAC	GTTATTAATC	ATATCAACAA	TTCACATTTA	AGTCAACACT	ATAACTGTAA	540
35	TTATTTTTAT	TTTAACCTTT	TATTT CATCC	ATTGACACGT	CTTGACGTAA	ATCTACTTGT	600
	TCTAATGGAA	TTTTTTTCGT	TTTATATCGA	AGCTTATGAT	AAATAAAGAA	TGCTAAAAAT	660
40	ACTGGAATTC	CCATATACGT	AATTAAGAAG	CGACTAAAAT	TAAAATCTCC	TGTTTAATA	720
	AAGTCAACAT	CTTGCCCAAn	AA nTACT				747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 654:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 501 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 654:

EP 0 786 519 A2

TTGTGCTTCT TTTTAGCTT CTTGAACCTC TTGTGCCTCT TGTGATGTAT CACTyAAATT 120
 ATTTGCACTT GCTTCTTCTT TTATCGCTGC TTGTTGTGCT TTCAATGCCA CTGCTTTTGr 180
 5 TTCTTyATTT GATACAGCCA CACTTTTATC CGCTTCTGCT TGTGCTTCTC TTTTAGCTTC 240
 TTGAATCTCT TGTGCTTCTT GTGATGTATC ACTTAAATTA TTTGCACTTG CTCTTCTTTT 300
 TATCGCTGCT TGTTGTGCCT TTAATGCCGC TTGCTCATTT TTAGATTTGT TTAAAAATCC 360
 10 TTCAACACGT TCTTTTGTAT AGGCAACCGT TTCTTCAAGT TGCGTTTTTC TTTCTTCAAA 420
 CTTTTGCGAC AGTTCTTGTh CTTTGACTTT nAAATCATCT GCTTTTTGAT AAACCTTTATT 480
 15 TTAAAAATACC AACCTAAAGC C 501

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 655:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 655:

CACCTTGTCa TAATTAATTT TTTGATTTTT CATTTTACTG ATAATAGGTT CAGCATTAAAT 60
 CATGATTTAA CCTCCACAT TTAATCATTa ACTTCTATTA TATATGATTC ATATTAAATG 120
 30 TCAGTCAAAA AAGTTAGAAA TTCATTTTAA TGCATTTATA TTTCGAAAAT CCCTTATGTA 180
 TCTAAAAGCA TTTTTTAAAC TTGAATTTTA AAACACTAAA CAACACATAC GTCTCTGTGT 240
 35 CATTTTCATT TTTTGTATGT CATATATATG TTTACTTCAT TTAAATCAAT TTCATCTTAT 300
 AATTTATCGT GTATTTTACA AAAGATTGAC TTCAATTCAT CGTAAAAGTT ATACTTTTGC 360
 CATTTTTTAA TGTAACATGG TGTTAGTAAT AAAAATAATA CATTGAGGTG TTTTACATGA 420
 40 CAGCATTATT CCCTTATATC GCTTTTGAAA ATTCAAAAGA AGCCCTTGCA TATTACGAAG 480
 AAGTATTTGG TGCAACTGAC GTTAAACGTT TAGAAGTTGG CGAAGAACAA GCGTCACATT 540
 TTGGTATGAC TAAGGAAGAA GCGCAAGAAG CAACTATGCA TGCTGAATTT GAAGTGCTTG 600
 45 GCGTAAAAGT GTTATGTTCT GATTCTTTTG GTCGCGCTGA CAAAATTaAT AATGGCATAT 660
 CATTATTAAT TGATTATGAT GTTAACAATA AGGAAGATGC TGATAAAGTT GAAGCATTCT 720
 50 ATGAGCAAAT TAAAGATCAT TCTTCAATTG AAATAGAATT ACCGTTTGCT GACCAATTCT 780
 GGGGTGGCAA AATGGGCGTC TTTACCGATA AATACGGTGT TCGTTGGATG 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 656: